

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/435, C12N 15/63, 15/85, C07K 16/18, A61K 38/17, 48/00		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/55858
		(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:	4. November 1999 (04.11.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01258		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(22) Internationales Anmeldedatum: 19. April 1999 (19.04.99)		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(30) Prioritätsdaten: 198 20 190.7 28. April 1998 (28.04.98) DE			
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).			
(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OBTAINED FROM PANCREAS TUMOR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PANKREASTUMORGeweBE

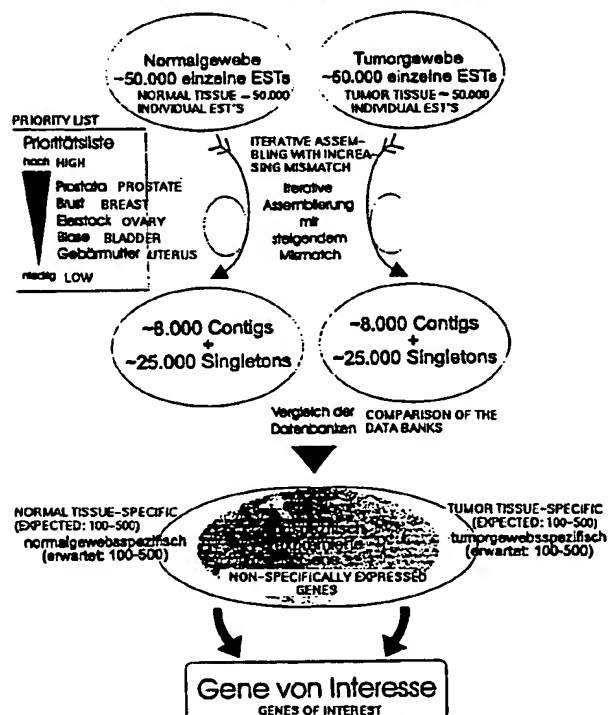
(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences mRNA, cDNA, genomic sequences obtained from pancreas tumor tissue which code for the gene products or parts thereof, and to the utilization of said sequences. The invention also relates to polypeptides obtained via the sequences and to the utilization of said polypeptides.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank
SYSTEMATIC GENE SEARCH IN THE INCYTE LIFESEQ DATA BANK



LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschlich Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Pankreastumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abg wandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Pankreastumor eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.

20

- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, die im Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

40

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 hybridisieren.

45

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor,

kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 158-596, 618-659.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 158-596, 618-659 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- 15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

- Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Pankreastumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

- 40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659 enthalten.

- Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- 45 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

50

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No 1-157, 597-617 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der
5 Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone
10 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Definitionen von Fachbegriffen und Abkürzungen

- 5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 10 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
- 15 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
- 20 N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
- X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- 30 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

- 35 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- 40 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 45 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- 50 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Pankreasgewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

B ispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 17 gefunden, die 13,3 .x stärker im normalen Pankreastumorgewebe als im normalem Pankreasgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000	undef	undef
35	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
55	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
70	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
75	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0256	1.2204	0.8194
	Brust	0.0371	0.0282	1.3157	0.7601
	Duenn darm	0.0368	0.0662	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0494	0.4847	2.0630
	Endokrines Gewebe	0.0324	0.0476	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0694	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0333	0.0308	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0388	0.1136	0.3411	2.9315
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267
15	Herz	0.0413	0.0137	3.0068	0.3326
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0249	0.0286	0.8709	1.1482
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0120	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0217	0.0479	0.4532	2.2067
	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0196	0.0192	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0528	0.8962	1.1158
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0611	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0448			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0434			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.1809			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0640			
	Lunge	0.0361			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0179	0.0056	3.1758	0.3149
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0050	3.0566	0.3272
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0963	0.1867	5.3565
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0881	0.0694	1.2701	0.7873
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0511	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
35	Samenblase	0.1157			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0153	1.7797	0.5619
	Brust	0.0077	0.0169	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058
10	Endokrines Gewebe	0.0255	0.0376	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0211	0.0046	4.5559	0.2195
	Gehirn	0.0111	0.0246	0.4500	2.2223
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
	Herz	0.0223	0.0137	1.6190	0.6176
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0187	0.0225	0.8313	1.2029
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
20	Muskel-Skelett	0.0257	0.0180	1.4278	0.7004
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0170	1.7913	0.5582
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
50	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0080
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0104	0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0092	0.5600	1.7858
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
50					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0123	0.4234	2.3620
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796		
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722		
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000		
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000	undef		
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0157					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0249					
50	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0152					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0060					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0050	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
65	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0341	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0359	0.0182	1.9736	0.5067
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0226	1.2076	0.8281
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0133	0.0144	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0201	0.0379	0.5293	1.8892
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0217	0.0137	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0186			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0033	0.0387	0.0855	11.6999
	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0111
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0071
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0204
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0291

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0102	0.0244	0.4188	2.3879
	Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0081	0.0175	0.4659	2.1466
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0647	0.2941	3.4000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0143	0.3629	2.7557
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0537	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
60	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust 0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0247			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0006			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0387	0.0427	23.3998
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0026		1.5254	0.6555
	Brust	0.0026		0.0038		0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0061		0.0165		0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120		0.0026		4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0093		0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0103		0.0062		1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0031		0.0041		0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0043		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0052					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0090					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0125					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0059	0.0010	5.7597	0.1736
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0192	1.1374	0.8792
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0006	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0040	
65	Prostata	0.0274	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0135	0.0061	2.2015	0.4542
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0108
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0408
55	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0122
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0052	0.0082	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0412	0.0514	19.4559
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0340
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3279
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
			%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085 1.9666
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889 2.5715
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0138	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048 3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133 0.5837
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156		
	Zervix	0.0213		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefuesse	0.0142		
	Lunge	0.0072		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0152		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0006		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0032		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0246		
	Nerven	0.0050		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0230	1.6949	0.5900
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0408	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust 0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere 0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0267			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0052			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0060			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0583	0.0662	0.8805	1.1357
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0498	0.0139	3.5895	0.2786
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0077	0.0019	4.0832	0.2449
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0250			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0340			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0110			
65	Prostata 0.0137			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0179	0.2179	4.5888
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0164	0.2250	4.4447
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0042	0.0082	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0017	0.0442	0.0374	26.7427
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0150	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0096	0.0092	1.0399	0.9616
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0082	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	.Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0972			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0810			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haefufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haefufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
70	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust 0.0013	0.0075	0.1701	5.8778
	Duendarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata 0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0072			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0090			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0051	4.5763	0.2185
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0271	0.0205	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0106			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duennndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0185	3.0027	0.3330
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0214	0.0092	2.3199	0.4311
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0412	0.2056	4.8640
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0518			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0092	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust 0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn 0.0067	0.0123	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch 0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz 0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0093	0.0102	0.9145	1.0935
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
20	Niere 0.0027	0.0411	0.0661	15.1317
	Pankreas 0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0149	0.4387	2.2795
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0139			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0079			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0181			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0249			
50	Sinnesorgane 0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0140			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0097			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0050			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0082	0.2700	3.7039
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0166	0.0019	8.8469	0.1130
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0118	0.0092	1.2799	0.7813
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0128	0.8530	1.1723
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671	1.7633
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0113	1.5054	0.6643
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0767	0.5593	1.7879
	Brust	0.0652	0.0320	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0126	0.1294	0.0971	10.2947
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0607	0.0544	18.3856
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.1224			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0100	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.1359	0.3501	2.8560
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0490	0.9791	1.0213
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0192			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust 0.0090	0.0150	0.5955	1.6794
	Duenn darm 0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn 0.0163	0.0082	1.9799	0.5051
	Haematopoetisch 0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut 0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz 0.0159	0.0137	1.1565	0.8647
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere 0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas 0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0356			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0095			
	Zervix 0.0213			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0188			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0145			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0124			
	Placenta 0.0182			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0244			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0162			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0410			
	Nerven 0.0161			
65	Prostata 0.0205			
	Sinnesorgane 0.0077			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.2542	0.1011	9.8931
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.7538			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.1410	0.0165	8.5270	0.1173
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.1820	0.0093	19.6731	0.0508
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0718	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0226	0.3774	2.6500
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0113	1.1781	0.8488
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0156	0.0184	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0240	0.7853	1.2735
20	Niere	0.0217	0.0274	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0954	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0051		0.7627	1.3111
	Brust	0.0013		0.0094		0.1361	7.3472
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0030		0.0026		1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0100		0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0134		0.0093		1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0044		0.0062		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0053		0.0412		0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058		0.0117		0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0052		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0060		1.1422	0.8755
	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0017		0.0221		0.0748	13.3713
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0087		0.0085		1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152		0.0204		0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0182					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
60	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
70	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
75	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0185	0.0000	undef
	Gehirn	0.0185	0.0072	2.5713	0.3889
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0180	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0274	0.0991	10.0878
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0161			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0464			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0456			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0213	0.3071	3.2564
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm 0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0187	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn 0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0163	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0087			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0050			
65	Prostata 0.0137			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0133	0.6646	1.5047
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
20	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0748			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0010			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
10	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0201	0.4245	2.3555
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0244	0.0092	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0753

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0488
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0221
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0117	0.0275	0.4240	2.3583
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0104	0.0143	0.7258	1.3779
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0043	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
75	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust 0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duennndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
40	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0070			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0123	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0205	0.0075	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0952			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn 0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch 0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0113			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0083			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0309			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0203			
	Endokrines_Gewebe 0.0490			
	Foetal 0.0017			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0040			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0496	0.0618	16.1839
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0094	1.2250	0.8164
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0113	0.3273	3.0557
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 142

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0029	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0020	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0083	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 143

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 144

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 145

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0301	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0115	0.0139	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0214	0.0288	0.7457	1.3411
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
20	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
25	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0196	0.0106	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0340	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0438			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
75	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 146

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
10	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0074	0.0041	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
70	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 147

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0096	0.0164	0.5850	1.7095
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0117	0.0137	0.8481	1.1791
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
25	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 148

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0082	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0102	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0411	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 149

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N	
5	Blase	0.0507		0.0256	1.9831	0.5043	
	Brust	0.0281		0.0263	1.0694	0.9351	
	Duennndarm	0.0368		0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock	0.0300		0.0104	2.8781	0.3474	
	Endokrines_Gewebe	0.0153		0.0100	1.5283	0.6543	
10	Gastrointestinal	0.0115		0.0278	0.4142	2.4145	
	Gehirn	0.0192		0.0359	0.5348	1.8698	
	Haematopoetisch	0.0321		0.0379	0.8469	1.1807	
	Haut	0.0220		0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0048		0.0194	0.2451	4.0800	
15	Herz	0.0350		0.0962	0.3635	2.7513	
	Hoden	0.0230		0.0234	0.9839	1.0163	
	Lunge	0.0291		0.0245	1.1854	0.8436	
	Magen-Speiseroehre	0.0387		0.0690	0.5602	1.7850	
	Muskel-Skelett	0.0343		0.0600	0.5711	1.7510	
20	Niere	0.0190		0.0068	2.7756	0.3603	
	Pankreas	0.0050		0.0994	0.0499	20.0570	
	Penis	0.0269		0.0800	0.3369	2.9678	
	Prostata	0.0174		0.0149	1.1699	0.8548	
	Uterus_Endometrium	0.0203		0.0000	undef	0.0000	
25	Uterus_Myometrium	0.0457		0.0068	6.7336	0.1485	
	Uterus_allgemein	0.0102		0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0160					
	Prostata-Hyperplasie	0.0208					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0468					
	Zervix	0.0319					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

	Brust	0.0476
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0120
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0375

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 151

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0281	1.9415	0.5151
	Brust	0.0550	0.0263	2.0902	0.4784
	Duennndarm	0.0368	0.0331	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0329	0.0338	0.9741	1.0265
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0536	0.0139	3.8656	0.2587
	Gehirn	0.0222	0.0308	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0286	0.0275	1.0408	0.9608
	Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge	0.0395	0.0164	2.4132	0.4144
	Magen-Speiserohre	0.0870	0.0077	11.3448	0.0881
	Muskel-Skelett	0.0531	0.0420	1.2646	0.7908
20	Niere	0.0244	0.0548	0.4461	2.2417
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0569	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0283	0.0255	1.1089	0.9018
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0764	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0958			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0690	0.2825	3.5400
	Brust	0.0179	0.0320	0.5604	1.7843
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0081	0.0442	0.1842	5.4296
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0625	0.1649	0.3791	2.6381
	Hoden	0.0403	0.0117	3.4438	0.2904
	Lunge	0.0343	0.0286	1.1975	0.8351
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0668	0.1200	0.5568	1.7959
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0050	0.1160	0.0427	23.3998
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0494			
	Placenta	0.0909			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
60	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0309			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 154

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0230	0.6780	1.4750
	Brust	0.0256	0.0263	0.9722	1.0286
	Duennndarm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0176	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0185	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0205	0.6120	1.6341
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0000	0.0497	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0196	0.0277	0.7087	1.4111
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0954	0.5337	1.8736
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
Brust	0.0272
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.1772
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0020
Prostata	0.0274
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0051	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
50	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 156

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0208	0.2878	3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0053	0.0758	0.0706	14.1689
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0104	0.0123	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0488			
70	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0156	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0103	0.0164	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0497	0.0665	15.0427
	Penis	0.0060	0.0800	0.0749	13.3552
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 597

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0042	0.2087	4.7908
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0018	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 598

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0097	0.0155	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0134	0.0114	1.1774	0.8493
	Duennndarm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0275	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0273	0.0300	0.9123	1.0962
	T_Lymphom	0.0076	0.0224	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0059	0.0092	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 599

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0164	0.4741	2.1091
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.5803	1.7234
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0126	0.0018	6.8408	0.1462
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0256	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0074	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0225			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 600

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319	3.0130
	Brust	0.0044	0.0014	3.1311	0.3194
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0140	0.3730	2.6808
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0111	0.4385	2.2804
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0017	0.0387	0.0427	23.3992
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 601

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 602

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0234	0.0047	4.9788	0.2009
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0085	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0018	0.0020	0.9068	1.1028
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0960
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6834	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0064	1.1333	0.8824
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6963	1.4362
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Prostata	0.0094	0.0052	1.8088	0.5529
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0093	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0408			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 603

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0141	0.0028	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.2491	0.0199	12.4946	0.0800
	Duenndarm	0.1949	0.5326	0.3659	2.7333
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8296	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0035	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0204	0.0055	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0096	0.2321	4.3081
	Pankreas	0.0017	0.1105	0.0150	66.8548
	Prostata	0.0047	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 604

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0079	0.0028	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0055	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0057	0.0078	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestin	0.0000			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 605

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0400	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0329	0.2371	4.2182
	Brust	0.0141	0.0197	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0345	0.0171	2.0184	0.4955
	Duenndarm	0.0384	0.0320	1.2024	0.8317
10	Eierstock	0.0089	0.0215	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0319	0.8551	1.1695
	Gehirn	0.0312	0.0299	1.0445	0.9574
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0317	0.4395	2.2755
15	Herz	0.0203	0.0275	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0361	0.0710	0.5089	1.9650
	Lunge	0.0126	0.0351	0.3600	2.7775
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0384	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0428	0.0185	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0179	0.0193	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0066	0.0387	0.1709	5.8498
	Prostata	0.0160	0.0182	0.8786	1.1382
	T_Lymphom	0.0278	0.0149	1.8596	0.5377
	Uterus	0.0177	0.0046	3.8554	0.2594
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0192	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0267			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0194			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0354			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0640			
40	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0272			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1469			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0249			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0833			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0465			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 606

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0195	0.0070	2.7658	0.3616
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0132	0.0078	1.6882	0.5923
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0222	0.0046	4.8192	0.2075
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0493			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 607

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0014	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0054	0.0060	0.9068	1.1028
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0055	0.7016	1.4253
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0286
	Prostata	0.0038	0.0013	2.8940	0.3455
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0138	0.1123	8.9083
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 608

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0124	0.1293	7.7318
	Gehirn	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0019	0.0037	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3710
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 609

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0035	0.0042	0.8349	1.1977
	Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0160	0.4024	2.4852
	Gehirn	0.0041	0.0080	0.5077	1.9696
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0104	0.0026	3.9794	0.2513
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 610

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0042	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0018	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0286
	Prostata	0.0000	0.0013	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 611

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0275	0.0369	27.0862
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0000	0.0039	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0612			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0209			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 612

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5064
	Brust	0.0114	0.0169	0.6784	1.4741
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0110	0.0107	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8295	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0038	3.8156	0.2621
	Gehirn	0.0193	0.0110	1.7586	0.5686
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0173	0.0137	1.2552	0.7967
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7136	0.2693
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3714
	Prostata	0.0085	0.0039	2.1705	0.4607
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0093	0.0138	0.6735	1.4847
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0304	0.3156	3.1685
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0586			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0161			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 613

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 614

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0272	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duenn darm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0057	3.1090	0.3216
	Gehirn	0.0030	0.0130	0.2325	4.3010
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0232	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0092	0.2105	4.7510
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0143
	Prostata	0.0094	0.0078	1.2058	0.8293
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 615

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0028	0.3131	3.1939
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0018	0.0010	1.8135	0.5514
	Haut	0.0073	0.0394	0.1862	5.3703
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0107			
40	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 616

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0071	1.5844	0.6312
	Gehirn	0.0075	0.0070	1.0776	0.9280
	Haut	0.0037	0.0394	0.0931	10.7394
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0276	0.1795	5.5712
	Prostata	0.0094	0.0065	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 617

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0028	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4110
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0019	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0036	0.0020	1.8135	0.5514
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0137	0.3692	2.7087
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0019	0.0055	0.3508	2.8506
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0046	0.0000	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_j (j : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_j > C_{j-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Pankreastumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltungsmuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
- 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
- 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendeten Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
22	266/N/19	393/M/5	504/A/18

TABELLE I

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
1	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	AP_endonuclease1	Xp11.22	AFM106xa3 - SHGC-32184
2	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	nm; PRO_RICH		
3	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus chromaffin granule ATPase II		3p14.1-p21.1	SHGC-36252 - AFMb318yf1
4	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q32.13-q32.31	D14S78 - D14S292
5	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	HMG-1	PRO_RICH; HMG; NLS_BP		
6	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NY-CO-41			
7	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	19p13.3	WI-6480
8	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus GOB-4		7p21.3	AFMb355wg1 - SHGC-17250
9	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu B. taurus epsilon-COP			
10	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Pyrophosphatase	Pyrophosphatase	4q23-q26	D4S1572 - D4S1571
11	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.2,3	D9S158
12	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu X. laevis dependent RNA helicase	DEAD; helicase_C	5q34-q351.	D5S498-D5S408
13	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	8p23.1	D8S277-D8S503
14	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH; NLS_BP	9q34.13-q34.2	D9S1818-D9S158
15	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q21.3-q22.1	SHGC-30283
16	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
17	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		15q23	D15S114 - D15S1329
18	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11p11.2-q13.1	D11S1368 - SHGC-31731

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
19	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q34	
20	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q31.3-q32.11	AFMa116zf5 - D14S968
21	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	EGF;	11q13.1-q13.4	D11S913 - D11S951E
22	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.13	SHGC-52575
23	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	lactamase_B	12q24.22-q24.23	AFMa225xe5 - SHGC-10488
24	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	ESTERASE;	3p21.1-p21.2	SHGC-14816 - WI-7113
25	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
26	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
27	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.1,q13.4	D11S913-D11S1337
28	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
29	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.1	SHGC-37613 - AFM029XH12
30	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q36.2-q36.3	
31	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
32	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p22.3-p22.1	D7S2477 - D7S517
33	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
34	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
35	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p11.23-p13.11	D12S1629 - D12S1922
36	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
37	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus NIK	PRO_RICH; ROM_MOTIF; CNH		

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
38	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu molybdoterin biosynthesis MOEB protein	ThiF_family;	3q23	
39	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		22q13.2-q13.32	IB1149 - D22S270
40	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q33-q35	WI-9353
41	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q22.3-q23.2	D11S1347 - D11S908
42	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Fas-ligand associated factor 3	SH3; PRO_RICH		
43	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus SH3P7	cofilin_ADF; SH3	7p12.2-p13	D7S519 - D7S506
44	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans FER-1	PRO_RICH; PRO_RICH; C2_DOMAIN_2	10q23.1	D10S583; D10S185
45	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. griseus ars2		7q22.1	sWSS3840
46	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu einem man(9)-alpha-mannosidase ähnlichen Protein aus C. elegans		9	SHGC-37250
47	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	JM4		Xp21.1-Xp11.23	SHGC-17255 - SHGC-37390
48	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu cyclin C (CCNC)	PRO_RICH		
49	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu VAMP associated protein of 33kDa		20q12-q13.33	
50	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Prepromultimerin	PRO_RICH	10q23.1	D10S564 - SHGC-15188
51	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	AFM273ve9 - SHGC-30574
52	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Fructose-1,6-bisphosphatase		9q22.2	AFM212yb4 - WI-1164
53	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
54	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Hic-5	LIM	16p11.2	SHGC-36123 - SHGC-5949
55	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q21.2-q21.3	D1S305-D1S506

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
56	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Polymetric immunoglobulin receptor	ig	1q32.2-q21.3	SHGC-11228; D1S456-D1S2891
57	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu H beta 58		11q23.2-q25	D11S1320 - D11S968
58	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus TIP49	AAA	3q21.3-q22.1	SHGC-31858
59	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus ABP-7		2q11.2	
60	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Agrin	laminin_G; EGF		
61	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Triose-phosphate isomerase	TIM	12q24.33	D12S367; WI-5272
63	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus polymerase I-transcript release factor	PRO_RICH	17q11.2-q21.31	D17S800 - D17S791
64	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus AP19	Clat_adaptor_s	Xp22.33-p22.13	
65	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Ras inhibitor			
66	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
67	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. pombe POP3	WD40_REGION	16p13.3	WI-7742
68	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	8p12	
69	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.31-q23.32	Z38397
70	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
71	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu APRIL	TNF; PRO_RICH	17p13.2	SHGC-31356 - SHGC-31370
72	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	9p24.1-p23	D9S178 - D9S286
73	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	SHGC-31529
74	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	SH3 domain binding glutamic acid-rich-like protein		Xp13.1-p22.1	SHGC-34549; DXS983-DXS995
75	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		16p12.3-q12.1	D16S401 - D16S411

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
76	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	KE04p	PRO_RICH	10q23.31-q24.1	SGC32598; D10S198-D10S192
77	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	TIGR-A002114; D6S396-D6S2119
78	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
79	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
80	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus cell surface antigen 114/A10		3q12.3-q22.3	WI-16550; D3S1267 - D3S1269
81	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus RNH-1/14-3-3	14-3-3	20q13.12-q13.2	slSG3015; D20S96 - D20S119
82	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		20q12	SHGC-5757; nib2203 - WI-7121
83	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q23.1-q24.23	WI-10125; D8S263-D8S284
84	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.11-q34.12	SGC34869; D9S260 - D9S159
85	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	hD54		20q13.33	SHGC-3176; SHGC-9476 - SHGC-9199
86	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		21q22.12-q22.13	TIGR-A008B34; D21S1254 - D21S1252
87	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. pombe TPR	TPR_REGION; TPR_REPEAT		
88	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus seizure-related mRNA	PRO_RICH	15q22.2-q22.31	WI-5241; WI-7454
90	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Human KIP2 gene for Cdk-inhibitor p57KIP2 Homolog			
91	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	sFRP-2	PRO_RICH; FZ_DOMAIN; NETRIN_CT	4q31.3	SHGC-1050; WI-15550 - D4S1046
92	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Lung Carbonyl Reductase	adh_short	17	D17S784, n.r. (117 cM)
93	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans MSR4 like protein	mito_carr	8p22-p12	slSG8989; D8S298 - D8S505
94	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
95	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	Fork_head	3p14.1	D3S1566; CHLC.GATA52H09

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
96	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	C2	12q13.12-q13.13	WI-7760
98	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q32.2	SHGC-11228; SHGC-36215 - SHGC-12033
99	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	F1FO-type ATPase subunit d			
100	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
101	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus SIK similar protein	NLS_BP	16q24.1-q24.2	CHLC.GATA71F09
102	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
103	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Human DNA sequence from clone 506		22q13.1	SHGC-2785; IB342 - SHGC-37043
104	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	MSJ-1	DnaJ	11q13.2-q13.4	AFMa190xd9
105	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PDZ	Xq12.2	CHLC.GGATA64D08; DXS983
106	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	UPF0034		
107	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
108	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Beta-galactosid alpha-2,6-sialyltransferase	Sialyltransf; PRO_RICH	3q26.33-3q28	D3S1602-D3S1580
109	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NHERF-2	PDZ	16q22.1-q23.1	SHGC-11460
110	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		6p21.31-p21.2	
111	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	high mobility group protein	HMG_box	Xq28	
112	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Multi PDZ domain protein	NLS_BP; PDZ	9p23-p21.3	SHGC-32204; WI-7091 - SHGC-3971
113	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	G-beta	11q12	
114	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP; PRO_RICH	?	SHGC-2325; SHGC-36512
115	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.11-p36.13	

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
116	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.11-q34.2	AFMb001ve9; AFM122x14 - SHGC-2757
117	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q21.31-q22	SGC32559; D17S797- D17S788
118	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	3q13.33-q23	WI-9557; D3S1589 - D3S1292
119	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11p12-q13.1	D11S1357-D11S1765
120	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q34-q35.1	EST00061; SHGC-11657 - UT5261
123	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		19q13.2-q13.33	WI-11704; D19S219- D19S418
124	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11	
125	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		Xq12.2	
126	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		20q11.21-q12	TIGR-A01Z33; D20S195- D20S107
127	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q25.3	CHLC.GATA71C09
128	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	LBP-1a	PRO_RICH;	3p22.3	GATA8A06
129	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q21.32-q22	SHGC-31935; NIB1385 - SHGC-30378
130	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
131	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		13	SHGC-6203
132	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p13	AFM288vb5; D7S679 - D7S2561
133	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q24.2-q24.3	WI-7648; D14S946
134	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		19p13.3	SHGC-1247
135	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p34.3	SHGC-6708; D1S432 - D1S2540
136	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	5q32-q33.1	

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
137	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q21.11 =pct141	SHGC-53839/AFM172xf10
138	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
139	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3-q22.2	
140	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	GLOBIN	Xq22.3-q25	SHGC-32433
142	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p13.2-p12	siSG4857; D17S796 - D17S960
143	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		16q12.2-q13	AFMa061yb5
144	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p24.1	AFM200ZC11; AFM207vo7 - SHGC-30375
145	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	PRO_RICH;	Xq25-q27.3	WI-6213; WI-5285
146	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	TFG		6p21.2	SHGC-31456; SHGC-10980 - SHGC-16715
147	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	MLN50	LIM_DOMAIN_2; SH3	17q11.2	SHGC-36242; SHGC-3073 - AFMa302yb5
148	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	HLA-F	MHC_I; PRO_RICH	6p21.31	SHGC-4087; SHGC-10115 - SHGC-17229
149	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Adenylate cyclase inhibiting GTP-binding protein	G-alphaarf	12p12.3	SHGC-2112; D12S308 - D12S1832
151	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	AHNAK	PRO_RICH; RICIN_B_LLECTIN	11p11.2-q13.1	SHGC-15940; D11S1368 - SHGC-31731
153	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	hPGI	LRR	Xq28	SHGC-35272
154	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Mac-2 binding protein	PRO_RICH	17	SHGC-11286; SHGC-33563 - AFM163yg1
155	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	BRG1		19p13.2-p13.3	SHGC-9937; D19S221 - D19S226
156	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Gry-rbp	RBD; PRO_RICH; rrm	20p13-p12.3	SHGC-56771; D20S816 - D20S779
157	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NC2 alpha subunit	HIST_TAF	11q13.1-q13.3	SHGC-1320; D11S951E - SHGC-10519

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
597	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 7			
598	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
599	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 28			
600	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 32			
601	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 35			
602	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 44			
603	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			
604	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 57			
605	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 61			
606	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 63			
607	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 67			
608	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 69			
609	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 72			
610	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 82			
611	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 93			
612	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 94			
613	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 95			
614	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 108			
615	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 111			

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
616	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 113		
617	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 130		

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
1	158
	159
	160
2	161
	162
	163
3	164
	165
	166
4	167
	168
	169
5	170
	171
	172
6	173
	174
	175
7	176
	177
	178
8	179
	180
	181
9	182
	183
	184
10	185
	186
	187
11	188
	189
	190
12	191
	192
	193
13	194
	195
	196
14	197
	198
	199
15	200
	201
	202
16	203
	204
	205
17	206
	207

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenz n Seq. ID. No.
18	208
	209
	210
	211
19	212
	213
	214
20	215
	216
	217
21	218
	219
	220
22	221
	222
	223
23	224
	225
	226
24	227
	228
	229
25	230
	231
	232
26	233
	234
	235
27	236
	237
	238
28	239
	240
	241
29	242
	243
	244
30	245
	246
	247
31	248
	249
	250
32	251
	252
	253
33	254
	255
	256
34	257
	258
	259

DNA-Sequenz n Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
35	260
	261
	262
36	263
	264
	265
37	266
	267
	268
38	269
	270
	271
39	272
	273
	274
40	275
	276
	277
41	278
	279
	280
42	281
	282
	283
43	284
	285
	286
44	287
	288
	289
45	290
	291
	292
46	293
	294
	295
47	296
	297
	298
48	299
	300
	301
49	302
	303
	304
50	305
	306
	307
51	308
	309
	310

DNA-Sequenzen Seq ID No:	311 Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
52	312
	313
	314
53	315
	316
	317
54	318
	319
	320
55	321
	322
	323
56	324
	325
	326
	327
57	328
	329
58	330
	331
	332
59	333
	334
59	335
60	336
	337
	338
61	339
	340
	341
63	345
	346
	347
64	348
	349
	350
65	351
	352
	353
66	354
	355
	356
67	357
	358
	359
68	360
	361
	362
69	363
	364
	365

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
70	366
	367
	368
71	369
	370
	371
72	372
	373
	374
73	375
	376
	377
74	378
	379
	380
75	381
	382
	383
76	384
	385
	386
77	387
	388
	389
78	390
	391
	392
79	393
	394
	395
80	396
	397
	398
81	399
	400
	401
82	402
	403
	404
83	405
	406
	407
84	408
	409
	410
85	411
	412
	413
86	414
	415
	416

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
87	417
	418
	419
88	420
	421
	422
90	426
	427
	428
	429
91	430
	431
	432
92	433
	434
	435
93	436
	437
	438
94	439
	440
	441
95	442
95	443
	444
96	445
	446
	447
98	451
	452
	453
	454
99	455
	456
	457
100	458
	459
	460
101	461
	462
	463
102	464
	465
	466
103	467
	468
	469
104	470
	471
	472

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
105	473
	474
	475
106	476
	477
	478
107	479
	480
	481
108	482
	483
	484
109	485
	486
	487
110	488
	489
	490
111	491
	492
	493
112	494
	495
	496
113	497
	498
	499
	500
114	501
	502
	503
115	504
	505
	506
116	507
	508
	509
117	510
	511
	512
118	513
	514
118	515
119	516
	517
	518
120	519
	520
	521
123	528
	529

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
124	530
	531
	532
125	533
	534
	535
126	536
	537
	538
127	539
	540
	541
128	542
	543
	544
129	545
	546
	547
130	548
	549
	550
130	551
131	552
132	553
	554
	555
133	556
	557
	558
134	559
	560
	561
135	562
	563
	564
136	565
	566
	567
137	568
	569
	570
138	571
	572
	573
139	574
	575
	576
	577
	578
	579
	580
	581

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
140	582
	583
	584
142	588
	589
	590
143	591
	592
	593
144	594
	595
	596
597	618
	619
598	620
	621
599	622
	623
600	624
	625
601	626
	627
602	628
	629
603	630
	631
604	632
	633
605	634
	635
606	636
	637
607	638
	639
608	640
	641
609	642
	643
610	644
	645
611	646
	647
612	648
	649
613	650
	651
614	652
	653
615	654
	655
616	656

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
617	657
	658
	659

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 der
ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No
5 158-596, 618-659 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

S quenzpr tokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

5 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Pankreastumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 633

20

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

25 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

50

```
cttcacgat agctaccgct gcttccaacc aaagcaggag ggggccttca cctgctggtc 60
agcagtcact ggcgcccgcc atctcaacta tggctcccgg cttgactata ccctggggga 120
```

```

caggaccctg gtcatagaca cctttcaggc ctctttcctg ctgcctgagg tgatgggctc 180
tgaccactgc cctgtgggtg cagtcttgag tgtgtcctct gtgcctgcaa aacagtgcc 240
acctctgtgc acccgcttcc tccctgagtt tgccaggcacc cagctcaaga tccctcgctt 300
cctagttcct ctggaacaaa gtccctgtgtt ggagcagtcg acgctgcagc acaacaatca 360
5 aacccgggta cagacatgcc aaaacaaaagc ccaagtgcgc tcaaccaggc ctcagcccag 420
tcaggttggc tctagcagag gccagaaaaa cctgaagagc tactttcagc cctcccctag 480
ctgtcccca ggcctctcctg acatagagct gcctagccta ccactgatga gcgccctcat 540
gaccccgaa actccagaag agaaggcagt ggccaaagtg gtgaaggggc aggccaagac 600
ttcagaagcc aaagatgaga aggagttacg gacctcattc tggaagtctg tgctggcggg 660
10 gcccttgcc acacccctct gtggggggcca cagggagcca tgtgtgatgc gtactgtgaa 720
gaagccagga cccaacttgg gccgcgcgtt ctacatgtgt gccaggcccc ggggtcctcc 780
cactgacccc tccctccggg gcaattcttc ctctggagca ggcccagctg aaccaatgga 840
ggcctgggga catctggcat ggtcaccctc gcacatgatc tgaggccagc tccccctccc 900
tgagctgcct cctgcttctc cctcaaaagtc tccctaccct ctcttccctc tttaagccct 960
15 ctcttccctc ctttccctcc tacctagctc cttgttggtg agcttcttgt gccttaatcc1020
tgtgacccag ccccttacac cactttccac cttcctgtcc gaagtacacg gacactagct1080
gccccaggaa gttgtgtgat tttaaatac tctgtgtctt gctggaaagt gtatttgtgc1140
ataaataaag totgtgtatt tgtttcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggtttgaagg1200
gg 1202

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1072 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

cctccatcag ctgcgcgcgc agcggtctgta tttggggcct gtgcgagtag gcgcttgggc 60
actcagtctc cctggcgagc gacgggcaga aatctcgaac cagtggagcg cactcgtaac 120
ctggatccca gaaggtcgcg aaggcagtag cgtttcctca gcggcggact gctgcagtaa 180
gaatgtcttt tccacctcat ttgaatcgcc ctcccatggg aatcccagca ctcccaccag 240
ggatcccaacc ccgcgagttt ccaggatttc ctccacctgt acctccaggg accccaatga 300
50 ttctgtgacc aatgagcatt atggctcctg ctccaactgt cttagtacct actgtgtcta 360
tggttggaag gcatttgggc gcaagaaagg atcatccagg cttaaaggct aaagaaaatg 420
atgaaaattg tggctctact accactgttt ttgttggaag catttccgag aaagcttcag 480
acatgcttat aagacaactc ttagctaaat gtggtttggt tttagctggg aagagagtag 540
aaggtgcttc cggaaagctt caagccttcg gattctgtga gtacaaggag ccagaatcta 600
55 cctccgtgc actcagatta ttacatgacc tgcaaattgg agagaaaaag ctactcgtaa 660
aagttgatgc aaagacaaag gcacagctgg atgaatggaa agcaaagaag aaagcttcta 720
atgggaatgc aaggccagaa actgtcacta atgacgatga agaagccttg gatgaagaaa 780

```

caaagaggag agatcagatg attaaagggg ctattgaagt ttttaattcgt gaatactcca 840
 gtgagctaaa tgcccctca caggaatctg attctcacc ccaggaagaa gaagaaggaa 900
 aagaaggagg acattttccg cagatttcca gtggcccccac tgatccctta tccactcatc 960
 actaaggagg atataaatgc tatagaaatg gaagaagaca aaagagacct gatattctcga1020
 5 gagatcagca aattcagaga cacacataag aaactggaag aagagaaag ca 1072

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1468 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

30 gcacgaggta ttatgctgtc gtatggctcc actgcagaaa gcaaaagtaa taagactaat 60
 aaaaatatca cctgagaaac ctataacatt ggctgttggg gatggtgcta atgacgtaag 120
 catgatacag gaggcccatg ttggcatagg aatcatgggt aaagaaggaa gacaggctgc 180
 aagaacacgt gactatgcaa tagccagatt taagtccctc tccaaattgc tttttgttca 240
 35 tggctcatttt tattatatta gaatagctac ccttgtagacg tttttttttt ataagaatgt 300
 gtgctttatc acaccccgat ttttatatca gttctactgt ttgttttctc agcaaacatt 360
 gtatgacagc gtgtacctga ctttatacaa tatttgtttt acttccctac ctattctgat 420
 atatagtctt ttggaacagc atgtagaccc tcatgtgtta caaaataagc ccacccttta 480
 tcgagacatt agtaaaaacc gcctcttaag tattaaaaca tttctttatt ggaccatcct 540
 40 gggcttcagt catgccttta tttctttttt tggatcctat ttactaatag ggaaagatac 600
 atctctgctt ggaaatggcc agatgtttgg aaactggaca tttggcactt tggctctcac 660
 agtcatgggt attacagtca caataaagat ggctctggaa actcattttt ggacttggat 720
 caaccatctc gttacctggg gatctattat attttatttt gtattttcct tgttttatgg 780
 agggattctc tggccatttt tgggctccca gaatatgtat tttgtgttta ttcagctcct 840
 45 gtcaagtggg tctgcttggg ttgccataat cctcatgggt gttacatgtc ttttcttga 900
 tatcataaag aaggctcttg accgacacct ccacctaca agtactgaaa aggcacagat 960
 gtactccaac acagttgctt taagtgcaga gttcatcgca ctgcagccat tgtcgagggc1020
 aaggaatcag ctgagcaaac ttagcttact gaaacaaatg cagggtatcaa gtgcttggac1080
 tccatgtgct gtttcccggg aggagaagca gcgtgtgcat ctggttggag aatgctgga1140
 50 cgagttatag gaagatgtag tccaaccac atcagcagg gtgaaatctc tctaagtagc1200
 ctttgcgtga gatgagtac ctatctggaa caggatgaac ctgccgctct agataccta1260
 taaatcagca gctggtttta ccaactgaag cagggaagtct gctattttatt agcactcttt1320
 ggtggtagat ttcactttgt ggctttgggg taagggtctt ttcactcaca aaggaagaga1380
 aagcaccttt gaagagactt catctaata acaaaaaatt ttgtttcata atctttctaa1440
 55 aatgggctca gtaggagtgg gtgtatgg 1468

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2331 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

25  cggctcgaga aaggacctct cccttttcag atgcctggca tgaggcttcc agaaacccag 60
    gttcttccag gagaaataga tgagactcct ctttccaagc caggacatga ccttgccagc 120
    atggaggata aaacagagaa atgggtcttc cagcctgaag gtccacttaa attgaaagct 180
    tcaagtactg atatgccatc ccagatttct gtggttaatg tggatcaact gtgggaagat 240
    tctgtcctaa ctgtcaaatt ccccaaatta atggtaccaa ggttctcctt ccctgcccc 300
    agctcagagg atgatgtgtt catccccact gtgagggaag tgcagtgtcc agaggccaat 360
30  attgatacag ccctttgtaa ggaaagtccg gggctctggg gagccagcat cctgaaggca 420
    ggtgctgggg tccctgggga gcagcctgtg gaccttaacc tgcctttgga agctcccca 480
    atttcaaagg tcagagtga tattcagggt gctcaggtt aaagtcaaga ggtcactata 540
    cacagcatag tgacaccaga gttttagat ctctcagta ccaggacttt ttccactcag 600
    attgtgcggg aatcagagat cccacgtca gagattcaaa caccttcgta cggattttcc 660
35  ttattaaaag tgaaaatccc agagccccac acgcaggcta gagtgtacac aacaatgact 720
    caacactcta ggactcagga gggcacagaa gaggtccca tacaagccac cccaggagta 780
    gactccattt ctggagatct ccagcctgac actggagaac catttgagat gatctcttcc 840
    agcgtcaatg tactgggaca gcaaacactc acatttgaag ttcttctggt ccaccagctt 900
    gcagacagct gttcagatga ggagccagca gaaattcttg agtttcccc tgatgatagc 960
40  caagaggcaa ccacaccact ggcagatgaa ggcagggtc caaaagacaa accagaaagt1020
    aaaaaatctg gtctgctctg gttttggctt ccaaacattg ggttttctc ttctgttgat1080
    gagacagggt ttgattccaa aaatgacgtc cagagatctg ctccattca aacacagcct1140
    gaggcacgac cagaggcaga actgcctaaa aaacaggaga aggcaggctg gttccgattt1200
    cccaaattag ggttctcctc atctcctacc aagaaaagca aaagcaccga agatggggca1260
45  gagctggaag aacaaaaact tcaagaagaa acaatcacgt tttttgatgc ccgagaaagt1320
    ttctcccctg aagagaagga agaggggtgaa ctgatcggtc ctgtgggcac tgggctggac1380
    tccagagtga tgggtgacatc cgcggaagaa acagagttaa tcctgcccga gcaggacaga1440
    aaagctgacg atgaaagcaa agggtcaggc ctgggaccaa atgaaggctg agaggtatgg1500
    ctcatcagta caagagagat gcaaaaaact aagttggaag gtaaaaggct cacaacata1560
50  tggagcacc ccatccacag cacattacat ccacctcact tcacagaacg gagaacagag1620
    cagaaatgac cagaacacct ttgtcaccat cacacagccc tcctaaaatg gaaccaaagc1680
    ttcccagctc cctcaaagct ttggatgcaa agaaggcacc ctgacttcca caagacacca1740
    gaattcacac ggtactcaga ggcactgctg ggggaagttt ttggtcttta ttagataaat1800
    ttccagagac ctgtccataa taccacacag aacatgactg tttctttgag gaaagggta1860
55  taatgtctgt ggtgtacaag tcgttttttg tataacttct ttctgtgtgc tgctgcttcc1920
    cggcaaacat agttttccta tttcaggcag agtgcggtat attccaggaa acactgtttc1980
    ctactcactt agcttacttc tttgttgaat gcctcactaa tggcaagttt caagatgttt2040
    tgggtgacaa tgcacacatg ctggggcaaaa ggggtgatggc cagtggctgg cagctgggcc2100

```

agcagaagct aggacatctg tgagttgtca ttctcatcta tccatgtcca ctggcctgcc2160
 agcatccgcc agtgccttgc cagtgtgcac ggtcccacac tgtggcccct gagtccccta2220
 atgtacacgc tgcagccaga atgcagatgg agctggcttg gctgttccct ggatgggcaa2280
 taaagaaagt gctgcatccc aaaaaaaaaa aaaaagtaaa aaaaaaaagg g 2331

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1925 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5

30 aataaaaaaaaa attgtatttta cttagaagca ttcagaatgt caacaaaaca gccgcaattt 60
 ttttttttgca attacagagt ggtattcagt taacagaaca acaattatct tcgtataagc 120
 tgcacagag acaactgaag atgaaaaaaaa taaaacccaa aaagaaaacc aaaagaaaaa 180
 aaaaaaaaaa acaaaaaaca aaactaccat ccccatatat aactaatttg tgctgtgcac 240
 caacaagaac ctgttttaaa tttccatgcc aatttacaac ccccatactg taccaggcaa 300
 35 ggtagtggtc tattgaaaat accaccagga cagggctatc taaagacaca ttcggtagtg 360
 tgtaactat acaaaaaaag aactgttaca gtttaaaaac aaatcttaca cagccttaca 420
 tttcaatttt tttctttaa aggagtgaat tgtgtacagg ggggttaaat gctttataga 480
 caagaaaaaa aaaactgccc tagaaccaac ttattcatca tcatcatctt cttcttcac 540
 ttcattctct tcatcttctt cctctctctc atcctcttca tcttctctcat cttctctctc 600
 40 ttccttcttt tcttctgctt tttcagcctt gacaactccc ttttttgctg catcaggctt 660
 tccttttagct cgatagcag caatatcctt ttcgtatttt tccttcactt cgcagccttc 720
 ttttcataag gctgcttgct atctgcagca gtgttattcc acatctctcc cagtttcttc 780
 gcaacatcac caatggacag gccaggatgt tctcctttga tttttgggag atactcagag 840
 cagaagagga agaaggccga aggaggcctc ttgggtgcat tgggacctt gaacttcttt 900
 45 tttgtctccc ctttgggagg gatagaggtt ttcatttctc tttcataacg ggccttgctc 960
 gcttttgcca tatcttcaaa ttttcttttc tcttttagcag acatggtctt ccacctctct1020
 gagcacttct tagaaaactc tgagaagttg actgaagcat ctgggtgctt cttcttatgc1080
 tctctccgac aagtttgac aaaaaatgca tatgatgaca ttttgctctt cggcttctta1140
 ggatctcctt tgcccatggt tagttatttt tctaaaaaat aaaataaata tttgatgta1200
 50 gcaataaaat tatgacatat aagaccttaa agtacttagt aagggaatga aaaccaaagt1260
 actggttatt taacacagta gcgacatcaa cctccgtaaa atcagacaag aatatggccg1320
 agagattaaa ttcttgaag gggctatgcc aagcaaaaca acaaaaaca aaacagtcct1380
 tcaggggcgt ctcaaaaagt ctgacacaaa agatataccc atacagtatt ccctatctat1440
 ccgcccaggt ctgctctgaa tgagtatcta actggtcact taaacgattt taaaatctag1500
 55 aacaccattt taaaccaacc aaaccaaagg tcagaaaaa tgctgccaat tcgtggcttt1560
 gcactagata ggaataaac aagggcctaa gcgagtcgac tcttcctaat tatgggacct1620
 taaaaaaaaa aatcacctgt caccgaaagt ttcaaaaaac accctctttg cataaaactt1680

5 tgcctccaaag agggagcagc agccagctcc ggtgctcggg acccggttgg gaggtgcgggt1740
 gccaccgcga ggcagcctcg tttcctatcg gtttggccct gagatgtatt tctgttctga1800
 ctaaaccacgt ccggtctgaa gtttctccga gtaaacaagg atgagggaca aaagccactc1860
 ctgctcgtgg ctcggtggcc ccctccccc actcgggaag tatttttttg agccgtcaaa1920
 gttgg 1925

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1368 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

30 gtcggggagc gcggggccgg ggcccagggg acccggggcc acggagagcg ggaagaggat 60
 ggattgcccc gccctcccc ccggatggaa gaaggaggaa gtgatccgaa aatctgggct 120
 aagtgtctgc aagagcgatg tctactactt cagtccaagt ggtaagaagt tcagaagcaa 180
 gcctcagttg gcaaggtacc tgggaaatac tgttgatctc agcagttttg acttcagaac 240
 35 tggaaagatg atgcctagta aattacagaa gaacaaacag agactgcgaa acgatcctct 300
 caatcaaaat aagggtaaac cagacttgaa tacaacattg ccaattagac aaacagcatc 360
 aattttcaaa caaccggtaa ccaaagtcac aaatcatcct agtaataaag tgaaatcaga 420
 cccacaacga atgaatgaac agccacgtca gcttttctgg gagaagaggc tacaaggact 480
 tagtgcatca gatgtaacag aacaaattat aaaaaccatg gaactaccca aaggctctca 540
 40 aggagttggt ccaggtagca atgatgagac ccttttatct gctgttgcca gtgctttgca 600
 cacaagctct gcgccaatca cagggcaagt ctccgctgct gtggaaaaga accctgctgt 660
 ttggcttaac acatctcaac ccctctgcaa agcttttatt gtcacagatg aagacatcag 720
 gaaacaggaa gagcagtagc agcaagtagc caagaaattg gaagaagcac tgatggcaga 780
 catcttctgc cgagctgctg atacagaaga gatggatatt gaaatggaca gtggagatga 840
 45 agcctaagaa tatgatcagg taactttcga cgcactttcc ccaagagaaa attcctagaa 900
 attgaacaaa aatgtttcca ctggcttttg cctgtaagaa aaaaaatgta cccgacaca 960
 tagagctttt taatagcact aaccaatgcc ttttttagat tatttttgat gtatatatct1020
 attattcaaa aaatcatgtt tattttgagt cctaggactt aaaattagtc ttttgtaatal1080
 tcaagcagga ccctaagatg aagctgagct tttgatgcca ggtgcaatct actggaaatg1140
 50 tagcacttac gtaaaacatt tgtttccccc acagttttta taagaacaga tcaggaattc1200
 taaataaatt tcccagttaa agattattgt gacttcaact tatataaaca tatttttata1260
 ctttattgaa aggggacacc tgtacattct tccatcatca ctgtaaaagc aaataaatga1320
 ttatattcac aaaaaaaaaa aaaacaccgg gggggggccc gggcccca 1368

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 424 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

gaatgccctt tgggggccag gggcccctgg gagccccgcc accctttccc acttggccgg 60
 ggtgcccgcg gccgccaccc ctgcacgcat ggcaggctgg cccccccca gagccctccc120
 25 cacagccagc agcctttcca cagtcactgc ccttcccga gtcccagcc ttccctacgg180
 cctcaccgc acccctcag agccagggc tgcaaccct cattatccac cagcacaga240
 tggtacagct ggggctgaac aaccacatgt ggaaccagag aggggtcccag gcgcccagg300
 acaagacgca ggaggcagaa tgaccgcttg tccttgctg accagctggg gaacaaccct360
 ggaccgaggc atcgccagg acccatagag caccgggtt ttccctgtgc ccttttgaa420
 30 attg 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 1020 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8

```

caagtaaatg cagcactagt ggggtgggatt gaggetatgc cctggtgcat aaatagagac 60
tcagctgtgc tggcacactc agcgggtctctg gaccgcatcc tagccgccga ctcacacaag 120
5 gcaggtgggt gaggaaatcc agagttgcca tggagaaaat tccagtgtca gcattcttgc 180
tccttgtggc cctctcctac actctggcca gagataccac agtcaaacct ggagccaaaa 240
aggacacaaa ggactctcga cccaaactgc cccagaccct ctccagaggt tggggtgacc 300
aactcatctg gactcagaca tatgaagaag ctctatataa atccaagaca agcaacaaac 360
ccttgatgat tattcatcac ttggatgagt gcccacacag tcaagcttta aagaaagtgt 420
10 ttgctgaaaa taaagaaatc cagaaattgg cagagcagtt tgtcctctctc aatctggttt 480
atgaaacaac tgacaaacac ctttctcctg atggccagta tgtccccagg attatgtttg 540
ttgacctatc tctgacagtt agagccgata tcaactggaag atattcaaac cgtctctatg 600
cttagcaacc tgcagataca gctctgttgc ttgacaacat gaagaaagct ctcaagttgc 660
tgaagactga attgtaaaaga aaaaaaatct ccaagccctt ctgtctgtca ggccttgaga 720
15 cttgaaacca gaagaagtgt gagaagactg gctagtgtgg aagcatagtg aacacactga 780
ttaggttatg gtttaattgt acaacaacta ttttttaaga aaaacaagtt ttagaaattt 840
ggtttcaagt gtacatgtgt gaaaacaata ttgtatacta ccatagttag ccatgatttt 900
ctaaaaaaaa aaataaatgt tttgggggtg ttctgttttc tccaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaattgcc cccaagggga cgggttacaa ttggggggcg1020
20

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 718 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

45 tgaaaaagta aactacattt cctagcgtgc ccgtgtcttg cttccggctg acgtgtcttt 60
caggaagagg agctggtgag aagacagcga aatggcgccct ccggcccccg gcccggcctc120
cggcggtctc ggggaggtag acgagctgtt cgacgtaaag aacgccttct acatcggcag180
ctaccagcag tgcataaacg aggcgcacgg gtgaagctgt caagcccaga gagagacgtg240
gagagggacg tcttctctgta tagagcgtac ctggcgacga ggaagtctcg tgtggtcctg300
50 gatgagatca agccctcctc ggccctctgag ctccaggccg tgcgcatgtt tgctgactac360
ctcgccacag agagtcggag ggacagcatc gtggccgagc tggaccgaga gatgagcagg420
agcgtggacg tgaccaacac caccttctctg ctcatggccg cctccatcta tctccacgac480
cagaaccggg atgccgccct gcgtgcgctg caccaggggg acagcctgga gtgcacagcc540
atgacagtgc agatcctgct gaagctggac cgcctggacc tcgcccggaa ggagctgaag600
55 agaatgcagg acctggacga ggatgccacc ctcaccacgc tcaaggtctt ggtaagcttg660
caacgggtgt aaaagctcaa ggatccttct gatttcaggg attggtaaaa ttgttcca 718

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

25 gcaggaccgt cattgacgcc atgagcgcgc tgctgcggct gctgcgcacg ggtgccccag 60
 ccgctgcgtg cctgcgggtg gggaccagt gaggaccgg gtcgcgcgct gctatggccc 120
 tgtaccacac tgaggagcgc ggcacgccct gctgcgcagaa ttaccgcctc ttctttaaga 180
 atgtaactgg tcactacatt tcccccttc atgatattcc tctgaagggtg aactctaaag 240
 aggaaaatgg cattcctatg aagaaagcac gaaatgatga atatgagaat ctgtttaata 300
 30 tgattgtaga aatacctcgg tggacaaatg ctaaaatgga gattgccacc aaggagccaa 360
 tgaatcccat taaacaatat gtaaaggatg gaaagctacg ctatgtggcg aatatcttcc 420
 cttacaaggg ttatatatgg aattatggta ccctccctca gacttgggaa gatcccatg 480
 aaaaagataa gagcacgaac tgctttggag ataatgatcc tattgatgtt tgcgaaatag 540
 gctcaaagat tctttcttgt ggagaagtta ttcattgtga gatccttgga attttggtc 600
 35 ttattgatga aggtgaaaca gattggaaat taattgctat caatgcgaat gatcctgaag 660
 cctcaaagtt tcatgatatt gatgatgta agaagttcaa accgggttac ctggaagcta 720
 ctcttaattg gtttagatta tataaggtag cagatggaaa accagaaaac cagtttgctt 780
 ttaatggaga attcaaaaac aaggcttttg ctcttgaagt tattaaatcc actcatcaat 840
 gttggaaagc attgcttatg aagaagtgtg atggaggagc tataaattgc acaaacgtgc 900
 40 agatatctga tagcccttcc cgttgcactc aagaggaagc aagatcatta gttgaatcgg 960
 tatcatcttc accaaataaa gaaagtaatg aagaagagca agtgtggcac ttccttggca 1020
 agtgattgaa acatctgaaa ttctgctgtc aagattccca tctctaagga ctccaagtgc 1080
 tagagacaag ggggtctatg agcattttact gacttcctgt taaaacttca ttttttcaaa 1140
 ctttttgagc tatgcaatat ataaataaac agtaagaatt ttaaattaaa aaaaaaaaaa 1200
 45 aa 1202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11

15

```

ggagccggga ctgcggggcg gcgggcgggg gcgtcgtgc gcggctggcc ggtgaggccg 60
cgccatgggg cgagtgcagc tcttcagat cagcctgagc cagggccgcg tcgtctacag 120
ccccggggag ccgttggtcg ggaccgtgcg cgtgcgcctg ggggcaccgc tgccgttccg 180
agccatccgg gtgacctgca taggttcctg cggggtctcc aacaaggcta atgacacagc 240
gtgggtagtg gaggagggtt acttcaacag ttccctgtcg ctggcagaca aggggagcct 300
gcccgtgga gagcacagct tccccttcca gttcctgctt cctgccactg caccacagtc 360
ctttgagggt cctttcgga agatcgtgca ccagggtgagg gccgccatcc acacgccacg 420
gttttccaag gatcacaagt gcagcctcgt gttctatata ttgagccctc tgaacctgaa 480
cagcatccca gacattgagc aaccaacgt ggctctgcc accaagaagt tctcctacaa 540
gctggtgaag acgggcagcg tggctctcac agccagcact gatctccgcg gctatgtggt 600
ggggcaggca ctgcagctgc atgccagctg tgagaaccag tcaggcaagg acaccagccc 660
tgtggtggcc agtctgctgc agaaagtgtc ctataaggcc aagcgtgga tccacgacgt 720
acggaccatt gcggaggtgg aggggtgcggg cgtcaaggcc tggcggcggg cgcagtggca 780
cgagcagatc ctggtgcctg ccttgcccca gtcggccctg ccgggctgca gcctcatcca 840
30 catcgactac tacttacagg tctctctgaa ggcgcgggaa gctactgtga ccctcccggg 900
cttcattggc aatattgctg tgaaccatgc cccagtgagc ccccggccag gcctgggggt 960
gcctcctggg gccccacccc tgggtggtgcc ttccgcacca cccaggagg aggctgaggc1020
tgaggctgcg gctggcgggc cccacttctt ggaccccgtc ttctcttcca ccaagagcca1080
ttcgcagcgg cagcccctgc tggccacctt gaggttctgt cctggtgcgc cggagccctg1140
35 cctcaggat ggcagccctg cctcacaccc gctgcaccct cccttgtgca tttcaacagg1200
tgccactgtc cctactttg cagagggtc cggggggcca gtgccacta ccagcacctt1260
gattcttctt ccagagtaca gttcttgggg ctacccctat gaggcccccac cgtcttatga1320
gcagagctgc ggcggcgtgg aaccagcct gaccctgag agctgacccc gtgctgcctt1380
ctccaggcag gctggcctc tgccctggga ctggggcgcc cagggcctcg tgccttctct1440
40 cttggcctag cctggccccc tcaggacctg cccagcctct gccagctcct ctgcataccg1500
cctcttctcc ctggggctgg ggtgggggtg gcaggagct gggacctgga gagacaactc1560
ctgtaataaa aacactttat ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

cagcgaagga tgaggcgggg tttcgccgtg ggcgcgatgc gtgcagcaaa gaatggagga 60
gtcggaaacc gaacggaagc gggctcgcac cgacgaggtg cctgccggag gaagccgctc 120
cgaggcggaa gatgaggacg acgaggacta cgtgccctat gtgccgttac ggcagcgccg 180
15 gcagctactg ctccagaagc tgctgcagcg aagacgcaag ggagctgcgg aggaagagca 240
gcaggacagc ggtagtgaac cccggggaga tgaggacgac atcccgcctag gccctcagtc 300
caacgtcagc ctcttgatc agcaccagca ccttaaagag aaggtcgaag cgcgcaaaaga 360
gtctgccaag gagaagcagc tgaaggaaga agagaagatc ctggagagtg ttgccgaggg 420
ccgagcattg atgtcagtga aggagatggc taagggcatt acgtatgatg accccatcaa 480
20 aaccagctgg actccacccc gttatgttct gagcatgtct gaagagcgac atgagcgctg 540
gcggaagaaa taccacatcc tgggtggagg agacgggtatc ccaccacca tcaagagctt 600
caaggaaatg aagtttcctg cagccatcct gagaggcctg aagaagaaag gcattcacca 660
cccaacaccc attcagatcc agggcatccc caccattcta tctggccgtg acatgatagg 720
catcgctttc acgggttcag gcaagacact ggtgttcacg ttgcccgtca tcatgttctg 780
25 cctggaacaa gagaagaggt tacccttctc aaagcgcgag gggccctatg gactcatcat 840
ctgcccctcg cgggagctgg cccggcagac ccattggcatc ctggagtact actccgct 900
gctgcaggag gacagctcac cactcctgcy ctgcgcctc tgcattgggg gcatgtccgt 960
gaaagagcag atggagacca tccgacacgg tgtacacatg atggtggcca ccccggggcg 1020
cctcatggat ttgctgcaga agaagatggt cagcctagac atctgtcgct acctggccct 1080
30 ggacgaggtc gaccgcatga tgcacatggg cttcgagggt gacatccgta ccatcttctc 1140
ctacttcaag ggccagcgac agaccctgct cttcagtgcc accatgccga agaagattca 1200
gaactttgct aagagtgcgc ttgtaaagcc tgtgaccatc aatgtggggc gcgctggggc 1260
tgccagcctg gatgtcatcc aggaggtaga atatgtgaag gaggaggcca agatggtgta 1320
cctgctcgag tgcttcgaga agacaccccc gcctgtactc atctttgcag agaagaaggc 1380
35 agacgtggac gccatccacg agtacctgct gctcaagggg gttgaggccg tagccatcca 1440
tgggggcaaa gaccaggagg aacggactaa ggccatcgag gcattccggg agggcaagaa 1500
ggatgtccta gtagccacag acgttgccctc caagggcctg gacttccctg ccatccagca 1560
cgtcatcaat tatgacatgc cagaggagat tgagaactat gtacaccgga ttggccgcac 1620
cgggcgctcg ggaaacacag gcatcgccac taccttcac aacaaagcgt gtgatgagtc 1680
40 agtgctgatg gacctcaaag cgtgctgct agaagccaag cagaagggtc cgcccggtg 1740
gcagggtgct cattgcgggg atgagtcct gctggacatt ggaggagagc gcgctgtgct 1800
cttctgcggg ggctgggtc atcggatcac tgactgccc aaactcgagg ctatgcagac 1860
caagcaggtc agcaacatc gtcgcaagga ctacctggc cacagctcca tggacttctg 1920
agccgacagt cttcccttct ctccaagagg cctcagtcac caagactgcc accagtctac 1980
45 acatacagca gcccctgga cagaatcagc atttcagctc agctggcctg gaatgggcca 2040
ggctggtcct ggctgcctgt tccctgtgct cttcagaatt actgtttttg tttcctttta 2100
ccccagctgc cattaaagcc caaacctcta gcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 2155

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1743 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

15 cctggggcggg ccoctgcgtca ggttgcaagt tcaacttttag ctctgggcac ctccagctcc 60
   tgctcgccgg acggctccca gggagagcag acgcgccaga cgcgccaccc tcggggcgcc 120
   gacggtcacg gagcatgggg tcggcctttg agcgggtagt ccggagagtg gtccaggagc 180
   tggaccatgg tggggagttc atccctgtga ccagcctgca gagctccact ggcttccagc 240
   cctactgcct ggtgggttagg aagccctcaa gctcatggtt ctggaaaccc cgttataagt 300
20 gtgtcaacct gtctatcaag gacatcctgg agccgatgc cgcggaacca gacgtgcagc 360
   gtggcaggag cttccacttc tacgatgcca tggatgggca gatacagggc agcgtggagc 420
   tggcagcccc aggacaggca aagatcgagc gcggggccgc ggtgtctgac agctccagca 480
   cctcaatgaa tgtgtactcg ctgagtgtgg accctaacac ctggcagact ctgctccatg 540
   agaggcacct gcggcagcca gaacacaaag tcttcagca gctgcgcagc gcggggacaa 600
25 cgtgtacgtg gtgactgagg tgctgcagac acagaaggag gtggaagtca cgcgcacca 660
   caagcgggag ggctcggggc ggttttccct gcccgagacc acgtgcttgc agggtgaggg 720
   ccagggccat ctgagccaga agaagacggt caccatcccc tcaggcagca ccctcgcat 780
   ccgggtggcc cagctggtta ttgactctga cttggacgtc cttctcttcc cggataaaga 840
   gcagaggacc ttccagccac ccgcgacagg ccacaagcgt tccacgagcg aaggcgctg 900
30 gccacagctg ccoctctggc tctccatgat gagtgccct cacaacttcc tgacagatgg 960
   ggtccctgcg gcggggcggt tcaactgaaga cttccagggc ctacgggcag aggtggagac 1020
   catctccaag gaactggagc ttttggacag agagctgtgc cagctgctgc tggaggcct 1080
   ggagggggtg ctgcgggacc agctggccct gcgagcctt gaggagggcg tggagcagg 1140
   ccagagcctt gggccgggtg agcccctgga cggtcagca ggtgctgtcc tggagtgcct 1200
35 ggtgttgtcc tccggaatgc tggtgccgga actcgctatc cctgttgtct acctgctggg 1260
   ggcactgacc atgctgagtg aaacgcagca caagctgctg gcggaggcgc tggagtgcga 1320
   gaccctgttg gggccgctcg agctggtggg cagcctcttg gagcagagtg ccccgaggca 1380
   ggagcgcaga ccatgtccct gcccccggg cttctgggga acagctgggg cgaaggagca 1440
   ccggcctggg tcttgctgga cgagtgtggc ctagagctgg gggaggacac tccccacgtg 1500
40 tgctgggagc cgcaggccca gggccgcatg tgtgcaactc acgcctccct ggcactgcta 1560
   tcaggactga gccaggagcc cactagcct gtgcccgggc atggcctggc agctctccag 1620
   cagggcagag tgtttgcccc ccagctgcta gccctaggaa ggccaggagc ccagtagcca 1680
   tgtggccagt ctacatggg gcccaggagt tggggaaaca caataaaggt ggcatacgaal 1740
   gga

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 970 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

cggtctcgagt ggggttttag tttgttcctt ctttttgaag tcccttcatt tcaatccttg 60
actctctctc cccttccctt gccagctct gttgaatgct gctgtgcgcg tgtgagggcc120
15 gctctgcaca cagggccctt gggttgtgtg aactgaaatt ctccctgtat ttgtgagact180
cgcaggagtc cccatctgta gcacaggcaa tgccagtgcc atgctgcagc ctcagaaacc240
aggcctctca ctccagcagc aggcagaacc gtgtctgtgg tcgggtgctg tccacagctc300
tgtctgcctt gttcttgggc ttgagctgga tagagggtgg gtctcttcac cttccctgaa360
ttcagaacag accctgtgcc tggccccagt gtgcccaggc aattccccag gccctcattg420
20 ggagcccttg gtgttctgag cagcagggcc caggcagcac atgagcagtg cccaggggct480
ccctgcgtga ggacggcaag gtgcgatgta tgtctaactt attgatggca ggcagcccc540
tgtgccccct aagcctggcc ctggttattg ctgagctctg tgctcagtgc tgcggcctgg600
ccgtggctcg tctgttcctt tggggggccc gggcggttg tgggaatcag tcttcacaga660
cagacgtgag ccaggcggag gactcgttcc ttgcagaggt cagtcctcac ctgcaggtgt720
25 cggggtgggg gggggcaagg aggggcaggc acacaccatg tctgacctga acccgattct780
ggggagcatc ttcccgtccc ggccccacga cctccacagg gttacattgt aatatatatg840
ccccagctaa cctgtctgat ggtggcatct tctgcagac atttcaaaca tgtaactttt900
atatgaaaaa aaataaacac agatgaaagc tgcccaatgc caaaaaaaa aaaaaaaaaa960
aaaaaaaaaa 970

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 2003 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:15

55 gagagatctg aaataacctt tcccagtggg cagggttgcc aggggttgagg ggacagcaca 60

```

taccaccccc acccaacctg ttcgaggggc cctgcatggc acgggatgag tccctgcct 120
gtgcagctgc ctggcagtgg ctgggacaag gatcttgag ccagcacaga ggcctcttca 180
aaggcctctc cctcttgcca ctccaggcaa ggcaggtgcc cgcttcccca acacctccag 240
gcagtgaccc tagggcatgc cccagcaggt ctccgagcag ccactgggac ccgtctcagc 300
5 acatcctggc ctttgaaaagt ctgatatcct gagaggagg caggttttag ggccgcagtt 360
ccagccagcg tccccagcct ggcttcctg ccatggactc agtagctcgt ggggcttctt 420
accacccacc agccccgctg ggggtcgggc tggctgtggg caaaggagga cttgcctgga 480
gatttgagag aagattcctt ctaccagggc tgctgagggg ccaggcctgc atcaggggct 540
aggctctggc tgggcccggg ggctgagact aaggctttcg accctgggac ctccatgtgg 600
10 atgctgcctc agacaaaggc agtgagcctt ccctgccaaa gtgcccattc catgggctcg 660
gcctcactgg tcaactgttag cccatgaaca cgtgtggggc tcggtcacgt ggctttgagg 720
gcagtctgac caggctagac cacacgtgcc gtgacagggg gtgccattcc cctcgaggc 780
tctaattgac ccacatgtag cctggcagtc caaagaccaa gaatcaactt gcaaatctgc 840
cattaaactg ctgtgcgact tcaggcatat cactgccttc tctgggcttc agtgtccttt 900
15 tcatacctag aagtctgcgg tctgaggctc tttgggttca gacacactgt tctaggcttc 960
tgtaggggac cttgtgatct gccgtgcccc tcctccctgt tctttctgt cctccccacc 1020
ccaccctcag aagctgcttg ctctgcccc aggacaggag cttgacggat gaagtgcagc 1080
cagccacca ggtgccattt ccagtctgac ttccagaaat gtgcaccatg tcctagagca 1140
cagaccattt ggtggagcc tcctgggagg gttcaaacca tcagctctat gagaaatgcc 1200
20 cagaaaggct ttgccgactc catccgtctg tggaggctgc ctgcctccgg ggtgggatgg 1260
gtggtttctc ctccaattca gacccaagag gtgagccccg agggcatgta cctgggtggg 1320
agcagctcag gtacccttgg gggttgcagg gcccttaacg aggtatttct ctctctctcc 1380
tctctggggc gcgtgtgtgc gtgcgcgtgt gcgtgcctat gctttctct gtgggcacat 1440
caggatgcc ctccgagagc atgtgcacgt gtccccacct gagcgagcgt gtgtgtgtgc 1500
25 tcctctgctg cccagggttg gacgtctagg gtttggtgtg cctgtcttct gccctccctg 1560
agccacagg gtcagtcaat gtatcttcta cgtgcctctc cctctgcctt ctctcacagt 1620
gccccggct ccagagctca ggggtagggg ttctcctgag ggtgcagggg atccttctca 1680
tctcctggac cctccagggc actctggctc ctattcccca gctcctagga agctgagccg 1740
gggtcccttag gggaggtgac caggagcttt ggtgcaggga gctcttggtg gggcaaaggg 1800
30 ctggaccctt gccagggtct tggacatggt tatatgcccg ggagaggggg gtgcaggggc 1860
ccagggatgg cccccaatcc cacctctgtt tattctgtaa actgcaacct ataaataacc 1920
tttagcattc ctattgtaac aaaattaatt tttatgaaat aaattatatt tcctagtcta 1980
ataaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa
2003

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2279 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 40 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16

gattgaatta agcccttggg tttgccccac tgcagcttca agcggaaagg aaggaaccag 60
 ttggaccagt ggtcacagac ccaagcaaaa ggcgaccgca atcagcagct gggcttcacc 120
 cctttcctct gaaccagtga cccaaacctt tcaccctcga ttgggcaacc ttggcctggg 180
 5 gcatgtttat caccactgaa gtgacttgca gctatcaaag accagttaga ggggtgtgcag 240
 caagcacctt ctcagggtgc ccccatccca gaagaggaca cagacactga agaaggtgat 300
 gactttgaac tacttgacca gtcagagctg gatcaaattg agagtgaatt gggacttaca 360
 caagaccagg aagcagaagc acagcaaaat aagaagtctt caggtttcct ttcaaactctg 420
 ctgggaggcc attaatctag gaatcagctt gcaacagagc acaaaaaaca ccaaaaaaat 480
 10 ttcaaacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa aagaaaaaaa ttgaactgta agctttaatg 540
 attacttttag atttgtttta ttttccctcc tgcagtgaat taattggata tatatcagct 600
 gacactgata gattgatatt tctgatcgtt atttttgtgt aataagcatg gaaatgaact 660
 ttatacacac cactgtgttg tcagagataa atattagggg ttgtttttta agcaaaaaga 720
 aaaaaacaaa aaccaaacta ttaaaatcct cctataaata ttctttttct ttacagtttt 780
 15 tcaagcatgc aaaacagttt attgtaactt actgaaaaat attaacaatt aattgtgaat 840
 acatgctgtt accagcttcc ttattcctaa tacctggaaa attttttttt caacggatag 900
 attttgatgt aaaaaagacc gaaattatca aggtatctta gttgaaggac ttgggaaata 960
 ctatacaaat taatttctta ggaaaaaatt taaaagtata tttaagtact ctggatagac 1020
 tgaaacgttt ccattgtatt tctgcagttg tagacttagg cttattttga aagaagcatg 1080
 20 ctccattgac tcacctctct agtcttgcat tgggtggtat taaccatag aaagcaagca 1140
 gttgtgtatc acatagacaa tgggtatgat gtaaacagat tcagttgttt tgtgtttcat 1200
 tcgtcatatg tttgtgatag ggatgttggg agcacagctc tattctgcct gtcagactt 1260
 aagttagacc cttatctttt atattatgtc atgaaaaaag tctcctaaaa ttgtgaaact 1320
 agttcttgat gagtgatgtg atcatcagca ataaagatat aataactctg ttttcttagc 1380
 25 ctgtatagag gagaggaaact tgcttggcct taaaatatat ttatttgcca tttaagtata 1440
 aatatgaaat ctgtttctta ttgggaagat agaatatata tattttcctt taaacttttt 1500
 aaggtcactt ttaaatcaac aaatttgatt tatggttttt aacaaaggac taaagagctg 1560
 aaaccaacct agttttgttt ttgtgatata aactttaagt gtcgaggagc catgccagca 1620
 actaccaaaa atctcttaaa tcttcaggta cagctggcat tttggcagat gcatagagac 1680
 30 atctgagacc ctcaaaaagg aaggataatc caagaatata ggaaatctgt gttctcttcc 1740
 tttcatttta tcccttatat ttctaaagac taattataag taatctgaca ttttaatgta 1800
 gctactctta tttatttttt ctttctgagg tattaaaata tctggactga gttttgcca 1860
 atgttaaagg gagaagagtt actgaagact ttgaacactt gctttttgtg attgcttatg 1920
 tcattagtgc ctcatgactg tgtttgatgt cctttattga tacaaagtga gcctgtgcct 1980
 35 tcattatctt gccatttta atacaaatgg aaacctggtg tttgaaaatc tctgaaactg 2040
 gtgggttttg gaggaatata cctgaatttt attcaataac agtttctgga caggaagaaa 2100
 aatacagtta catatttata aaatagtcgt tatcagattt tttttatgtg tatgtttctt 2160
 tctttaaaac aatattcttg gatataaagt agaaaagttt aaaggtcatt tccattttct 2220
 40 cactaaggag aaaaaagtt aaataatcca agtaattaaa gatataagtc actagatga 2279

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 761 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:17

10 aaatccttagg gtaagccagc tgccttgga gcccaccagg gctccagact gcagggaga 60
 agccgggagc aggcagccat acctccactc ttgtcctcaa ggactcagct gtgtggcctt120
 ggatttcttt ttgcgggact tgcgccctgc aggacactgg tgttgagatt ggagggtcct180
 atcctgcccc ggggtgactc ccagggttgc agggggatag ggtggagaag ggtgctgtag240
 cccttgacag cgtgaagtcc tttctgctct cttagcctat tacattagga gtagcttacc300
 tttgggtgcc aacgggtccag gatcccccta aaatgggatg gggataattc aggaatcagc360
 ctgggttggc acaggggcgg tattccttgg agaggcagga ctcacacaca cccatccaga420
 tcagtgtagc ttctccctta ggaagcctct aggacatccc ccatgttaga gtccacatca480
 15 gcaaagctgc tctgcccttg gctactttca cttgggctac ctgccttggg ctacttccac540
 tagctgcaac cctgggacgc atgggagggg aggggtgtga ccctcaggaa cagtgtggtc600
 cttggagggg ctagacagac cctgagcatc accaccccag ttattgtgac cccacgtttc660
 caccatcag cctcctgggg tctctgctg tgtgaacagt agggcccaac ctggaaccag720
 atggtacggc catgccggtc ctgcaggag ctcctgcctg g 761

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1403 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18

45 ggtggctttg cctgggtgct gggcctgcgt tctctggctg cttgctgcct gtgtgcgttc 60
 cttgggtggc ttggcttctg cactccttgg tgcacaccgc tcaggctctc cattcacacg 120
 aggtcctcct cgctctggcc gctcttgcgt ctctgtctg aagaaatcag actgatttcc 180
 tcttaagact cctagggatg tggatgaagag ctgggactca agtgagtcac acgggtgtgaa 240
 acatgagggg ggtgaggtgt ccgtccactt ccccccataaa ggtgtgcatt tcagttaggc 300
 50 tgccccgcca cagagcaggc ttcatctgct ctgccatcca gccccatctg gatgtgaggt 360
 ggggtggaga catcatgggg tgattgcaga aagggggagt ggccggccac gcagcttctg 420
 ctgaggagct gaccgctctg agctgttctg tttcgtattg ctgctctgtg tctgcattga 480
 ttgtgaccgt gcggctccac ctcttccagc tgcgtctaca gctgaggcct ggatcccggc 540
 ctttccctgt gacttacgtg tctgtcaccg gcaggcagcc ctacaaatcc tgggtgacctg 600
 55 ctctcccaag aacagagcct gtccccagat gtcccagtag cgatgagtaa cagaggtggc 660
 tgtggacttc ctctacttct ccttgcctga tcagggcctt cctgcctccc gctgggcagg 720

```

tctggccttg ctctcttggc agggccccag cccctctgac caetctgcag ctcacatgc 780
agctgatgcc aaagtgtgtg tgtccagtgt gcagcagccc tgggagccac tgccaccttc 840
agaggggttc cttgctgaga cccacattgc ttcacctggc cccaccatgg ctgcttgcc 900
ggcccaacct agcgttctgt gccatgctag agcttgagct gttgctcttc ttcaggggag 960
5 gaaatagggg ggagagcggg aagggtcttg ctcttaagtg ttgctgctgt ggcttttttg 1020
ccttctccaa agacgcactg ccaggtccca agcttcagac tgctgtgctt agtaagcaag 1080
tgagaagcct ggggtttgga gcccacctac tctctggcag catcagcatc ctactcctgg 1140
caacatcagg ccaacgtcca cccagcctc acattgccag atgttggcag aagggtta 1200
attgaccgtc ttgactggct ggagccttca aagccactgg gatgtcctcc aggcacctgg 1260
10 gtcccatgac cagctccccg tctccatagg ggtaggcatt tcaactggtt atgaagctcg 1320
agtttcatta aatatgttaa gaatcaaac tgtctttgtt caggctgcta taacaaaaat 1360
ataatagcct ggttggttta aac
1403

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

gggcgcacc ggagtgtcgg tggatgatgg catcccgagc gtgcggcgcg aggtgcactc 60
gtacctgact gacactctgc actcgctcat ctccgagctg agcccgagg agaaggagga 120
40 ctcggtcatc gtggtgctga tcgccgagac tgactcacag tacacttcgg cagtgcaga 180
gaacatcaag gccttggtcc ccacggagat ccattctggg ctcttgagg tcatctcacc 240
ctccccccac ttctaccctg acttctcccg cctccgagag tcctttgggg accccaagga 300
gagagtccagg tggaggacca aacagaacct cgattactgc ttccctcatga tgtacgcgca 360
gtccaaaggc atctactacg tgcagctgga ggatgacatc gtggccaagc ccaactacct 420
45 gagcaccatg aagaactttg cactgcagca gccttcagag gactggatga tcctggagtt 480
ctcccagctg ggcttcattg gtaagatgtt caagtcgctg gacctgagcc tgattgtaga 540
gttcattctc atgttctacc gggacaagcc catcgactgg ctcttggaac atattctgtg 600
ggtgaaagtc tgcaaccccg agaaggatgc gaagactgtg accggcagaa agccaacctg 660
cggatccgct tcaaaccgtc cctctccag cacgtgggca ctactcctc gctggctggc 720
50 aagatccaga aactgaagga caaagacttt ggaaagcagg cgctgcggaa ggagcatgtg 780
aaccgcccag cagaggtgag cacgagcctg aagacatacc agcacttcac cctggagaaa 840
gcctacctgc gcgagactt cttctgggac tgcacccctg ccgcggggga cttcatccgc 900
ttccgcttct tccaacctct aagactggag cgttcttct tccgagtgga gaacatcgag 960
caccggagg acaagctctt caacacgtct gtggaggtgc tgcccttcga caaccctcag 1020
55 tcagacaagg aggcctgca ggaggggcgc accgccaccc tccggtaccc tcggagcccc 1080
gacggctacc tccagatcgg ctcttcttac aaggaggtgg cagagggaga ggtggaccca 1140
gccttcggcc ctctggaagc actgcgcctc tcgatccaga cggactcccc tgtgtgggtg 1200

```

```

attctgagcg agatcttctt gaaaaaggcc gactaagctg cgggcttctg aggggtaccct1260
gtggccagcc ctgaagccca ctttctggg ggtgtcgtca ctgccgtccc cggagggccal320
gatacgcccc cgcccaaagg gttctgcctg gcgtcgggct tgggccggcc tggggtccgc1380
cgctggcccc gagggccctag gagctgggtg tgcccccgcc cgccggggcg cggaggaggc1440
5 aggcggcccc cacactgtgc ctgaggcccc gaaccgttcg caccgcgcct gccccagtca1500
ggccgtttta gaagagcttt tacttgggcg cccgcgtct ctggcgcgaa cactggaatg1560
catatactac tttatgtgct gtgtttttta ttcttgata catttgattt tttcacgtaa1620
gtccacatat acttctataa gagcgtgact tgtaataaag ggtaaatgaa gaaaaaaaaa1680
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa
1702

```

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

35 tttttttttt ttttttttca ttttcaaaag ggctttttatt aaattctccc cacacgatgg 60
ctctcgcaat ctgccacagc tctggggcgt gtctgttagg gaaaggccct gttttccctg120
aggcggggct gggcttgctc atgggtccgc ggactggccg tgcttggcgc cctggcgtgt180
gtctagctgc ttcttgccgg gcacagagct gcggggtctg ggggcaccgg gagctaagag240
caggctctgg tgcagggttg gaggcctgtc tcttaaccga caccctgagg tgctcctgag300
40 atgtctgggtc caccctgagt ggcacgggga gcagctgtgg ccggtgctcc ttcctaggcc360
agtcctgggg aaactaagct cgggcccttc tttgcaaaga ccgaggatgg ggtgggtgtg420
ggggactcat ggggaatggc ctgaggagct acgtgtgaag agggcgccgg tttgttggt480
gcagcggcct ggagcgctc tctcctgagc ctacgtttcc ctttcgtct aatgaagaac540
atgccgtctc ggtgtctcag ggctattagg acttgccctc aggaagtggc ctggacgag600
45 cgtcatgtta ttttcacaac tgtcctgcga cgttggcctg ggcacgtcat ggaatggccc660
atgtccctct gctgcgtgga cgtcgcgtc gggagtgcgc agccagaggc ggggccagac720
gtgcgcctgg gggtagggg aggcgccccg ggagggcctc acaggaagtt gggctccgc780
accaccaggc agggcgggct cc
802

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

accccttctc tttcttttcc ccttttttctt tttctttttt gggtaagggt gacaccccat 60
ttattggaga agaccccagc acccgcccc tgaggtctta agggctttgg tgtatccttg 120
20 gtcacgagcg ctgggccagg aagcagagtt cctgagagcc aagtcagtg gttgagagag 180
gacctggct gggcctggg agcaggaagc catctgtcca gctgggcagc ccccatgggt 240
ccctggtgca gccccggcca tgtgtccagc gcccatact ccatgagggg ggtctgcacc 300
ccatcacacg ctggttctgc aggtctgcac ccctgtgagg ctgcccctgg ggggcatggg 360
ttctgttggg ctcttgctcc cagcatggat gaccagcga tagcagtcag tgatgcgctt 420
25 gttgggtgca tgggggccac agcgggtgca gtacacgatg cccagtgcac gcaggaccac 480
caaaaagaca cagtttgca ccaggagtgc caccagcagc caccggtcat ccctctggct 540
gtgctcgga agaccagct ccccgaggc tgttggggct gctgtgggag ctggtgagg 600
cagccacagg gccaaacttg gactggggcc atcttccctt gggatttggg gggctttgga 660
atggggatgt gtagggctga tgggtgaggt ctggttagtg gggctctgag agggcaggag 720
30 ggtggggagg gctgcgggct ggggtggcagc aggcacagag atttgatggg caggagacac 780
aggggacctg gaggtggtgg tcagagaggg ctgggcagtt gggataatgg gaagctgggt 840
ggcctgggtt ctgaggacaa gggcatctgg ggcttgaggg ggtcgtgagg caccgagggt 900
ggtgaccaga ggggcatggt taggtgggat tccaggcaaa tgagtgggtg tctgggtgcc 960
agcgaccgg gtgtctgga acatggggga ctggtgggca ggaagagct ccggatattt1020
35 ggttgagatc ataggggct ggtgggcagg aggtgtgct gaatgagaga cagagagaat1080
accgggttgg taggcagaag gcagatctgg atagttggct gcgatcacgg ggatctggtg1140
gtcacgggac aaagctgggt gtgtggcagg gatcacagga ggctggtggg cagaaggcag1200
tgtgggatgc gtggcagaga ccaccacagg ccgggtgacg gagagcactg aggagtggta1260
ggggaccctg ggggactga gcgggggtgg ccagggtggc tccgggtagg gtatctgtgg1320
40 ctctctgtcc tctgggaagc tcggtctata ggccagggca aagtcaggcg gctgcgtagg1380
ctccatccac aggatcccg gcattctcgt ccagccaccg ttgaagcctt ccaggcctcg1440
tcttcattct cctcatctc cccgtcatcc agcaactcat ctccgaggtc ctgggaaccc1500
tgggcaccca tggccctgc agggctgcag ctgatgccat cagcctccag ctcatgtccc1560
tcgctacaat aacactcgaa gccaccaacg tagttgacac acatctgctg gcacacaccg1620
45 gcaatctggc actcatctgt gtccaca 1647

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1170 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: lin ar

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

15 cctcgctggc agaagagata gaatcagggc tgcccccaca gagtgggacc caaggggcta 60
   attggaggca cgagggggacc cctccccagg gccttttcct cctctgcgtc ttccatctac 120
   tgaaatggga gaggggggtgg ggagcttctg ttctggtgaa gggacccggg caggccccca 180
   gcaccccatg ctgacttgga gaacccaga tctctggggc ccagccaggc aggggtgtggg 240
   ggcagctgtg ccaatctacc tcacaggccc acccctgcc gggcatgccg tgggatcatg 300
20 ggcagggaa gctctggggg tcggagacac cgctgcttag cccccccagc cagaacaccc 360
   tgagggtctc ggggctctgg agagagtggg gcgggaggaa gaattggcac ctctctaggg 420
   aaggagacga gcgcttcgcc ttgattctcc gagaagcctc cgagaagtgc ttttaagtgtg 480
   tttgcatgcg ccaggcgggtg ggcagcgggg gcctgtccag ccctctcccg ccctccttcc 540
   ccaagtgcg tccactgcct tgtcaccagc gacctgcctg tcatgccac cccctgagga 600
25 agcatgggga ccctaacacc ctggtgccct gcaccagaca ggccgtggtc agggccaggc 660
   caccggccgg gttctgccac agcttcccac gtgcttgcgt acatgcgtgt gcctgtgtgt 720
   ggtgtctgtt gctgtgtcgt gaaactgtga ccatcactca gtccaaacaa gtgagtgaggc 780
   ctcgaggcca cagttaagca actttcagtg tgtgtcataa cgacgtcact gcttttttaa 840
   ctcgataact ctttatatta gtaaaatgcc caggagtcct ggaagctacg cggacttgca 900
30 gaggttttat tttttggcct tagaatctgc agaaattagg aggcaccgag ccagcgag 960
   cagcctcgga cccggattgc gtttgctta gcggatatgt ttatacagat gaatataaaa1020
   tgtttttttc tttgggcttt ttgcttcttt tttccccccc ttctcacctt cccttctccc1080
   cgacccacc ccccaaaaaa gctacttctt cattccgtgg tacgattatt tttttaact1140
   aaaggaagat aaaattctat attcttaaaa 1170

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23

```

5  ggagtatcca gataggcgac acgccggcgg gcggtgagg cgggaatggc tgctgtactg 60
   cagcgcgctcg agcggctgtc caatcgagtc gtgcgtgtgt tgggctgtaa cccgggtccc 120
   atgaccctoc aaggcaccaa cacctacctt gtggggaccg gcccaggag aatcctcatt 180
   gacactggag aaccagcaat tccagaatac atcagctgtt taaagcaggc tctaactgaa 240
   tttaacacag caatccagga aattgtagtgt actcactggc accgagatca ttctggaggc 300
10 ataggagata tttgtaaaag catcaataat gacactacct attgcattaa aaaactccca 360
   cggaatcctc agagagaaga aattatagga aatggagagc aacaatatgt ttatctgaaa 420
   gatggagatg tgattaagac tgaggagacc actctaagag ttctatatac cctgggccac 480
   actgatgatc acatggctct actcttagaa gaggaaaatg ctatcttttc tggagattgc 540
   atcctagggg aaggaacaac ggtatttgaa gacctctatg attatatgaa ctctttaaaa 600
15 gagttattga aaatcaaagc tgatattata tatccaggac atggcccagt aattcataat 660
   gctgaagcta aaattcaaca atacatttct cacagaaata ttcgagagca gcaattctt 720
   acattatttc gtgagaactt tgagaaatca tttacagtaa tggagcttgt aaaaattatt 780
   tacaagaata ctctgagaa tttacatgaa atggctaaac ataatctctt acttcatttg 840
   aaaaaactag aaaaagaagg aaaaatattt agcaacacag atcctgacaa gaaatggaaa 900
20 gctcatcttt agtttcagat taaagaaagc tttgttttat tttgctttga gagaatggta 960
   tgttttctta actataggtt attttataga gaataaaaa gtataaaaaca ttaaaaaata 1020
   ccctagatat actttaaaat aatgttatat ttatgctaaa atatgtaaat tacactatac 1080
   aaccatatga taggttatit ctctaacctt gtcttctaac gttttaccac aaattcataa 1140
   tctaatagtt tatcagtttt caatagatta aataaaatga ttactttaaa aataataaaa 1200
25 tttatctaata ttaaagttga aaaaattttt ggccgttagt tatctattac tagtgatca 1259

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

50  gcgttctctc tccggccctc ggtaaccgcc agcacgcgcc tgcttcccgt ctgcgcgagt 60
   ccacgcagct cccaggcccc ttcaccagca cagcagcagc aggcattggc gcaagcgtgg 120
   agcagcgcca gggcaccatc caggtgcagg gccaggccct cttcttccga gaggccctgc 180
   ccggcagtg gaggctcgc ttctctgtac tgctgctgca tggatttcgc ttctcctccg 240
55  agacctggca gaacctgggt acactgcaca ggctggccca ggctggctac cgggctgtgg 300
   ccattgacct gccaggctcg gggcactcca aggaagcagc agccctgcc cctattgggg 360
   agctggcccc tggcagcttc ctggcggtct tgggtggatgc cttggagctg ggccccccgg 420

```

```

ttgtgatcag tccatcactg agtggcatgt actccctgcc ctccctcacg gcccctggct 480
cccagctccc gggctttgtg ccagtggccc ccatctgcac tgacaaaatc aatgctgcca 540
actatgccag tgtgaagact ccagctctga ttgtatatgg agaccaggac cccatgggtc 600
5 agaccagctt tgagcacctg aagcagctgc ccaaccaccg ggtgctgac atgaaggggg 660
cggggcaccc ctgttacctg gacaaaccag aggagtggca tacagggtg ctggacttcc 720
tgcagggggt ccagtgaagc ccagcactgc tgcagggggt gggctgcctg cctgctctga 780
gctctctctt gcacgctctc tcttctctcc caggctctgg ctcattgcaca tgcaacagg 840
gcgtctgtct atatgtctgg gttcttctct tttgtgtgtc gtttgtcttt tctacctctt 900
tctcttgacg tgatagactg agggggtaaa atcaagagga aaaaactctc aggaatcaag 960
10 gaacataatc ctgtggaggg taaaccatta catgaggctt ctcccgggtc gttcaagttt 1020
c 1021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1407 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agcaaaagggt gccggagacc aagatcgga gcgtagaata cgaaggcatc gagttcattt 60
aactgaaaaac cggctcaagg agcaaggcca tcaggactca gcttttataa aaacaagagg 120
40 agtgcacttt tgttttgttt tgttcttttt ggaactgtgc ctgggttgga ggtctggaca 180
gggagcccag tcccgggccc catagtgggt cgggcaactg acccccgggc cccacggagg 240
ccgcggtctg aactgctttc catgctgcca tctgggtgtg atttcggtca cttcaggcat 300
tgactcaagg cctgcctaac tggctgggtc gtttcttcca tccgacctcg tttcttttct 360
ttcctatgtt cttttgttca gtgaatatcc ctagagctcc taccatatgt caggccctat 420
gcctcacccct gagaacgcag tgggcatgag gtggacctgt ttgctgggaa cccagggtca 480
45 cccccttttc ttctactct gtgcctggag catcatgtcc acccctgcag atccttgaa 540
aagaaaatgt ttatgttgca gggatttga tggtcacgag tgagggcagg cccctgggga 600
cacatctgcc cacagctgca caggccaggg cgcaggcaca tctgttggtt ctcaggcctc 660
agataaaacc atctccgcat catatggcca gtgaccgctt tctcccttca agaaaattct 720
gtggctgtgc agtactttga agttttaatt attaacctgc ttttaattaaa gcagtttctt 780
50 ttcttataaa gtggaatcac caaatcttat cacacagagc acagtccgtg agttaccag 840
cccgtcccag cagtgcggga gattgtaagg aagcgggtgg ggctggtgaa gcaagtctca 900
catgtcggcg ttcttgcca atggatacaa agataaagaa aatgttgctt ttttctagga 960
actgtcagaa atcctcatgc ctttcaagac ttctgtgaat gacttgaatt ttttattccc 1020
tgccagggt ctgtgaacga ggctgtctc ttccctgggg tttctttcca tggcctttat 1080
55 ttctctctt ccagtgggag ttttgaggc tcttctctgt ggaaacttca cgagcgttgg 1140
ctgggcctcg gcttcgctgg agtgtactcc agggtagagg cagagtggga tttgagaccc 1200
aggttaggca cgaccaggc tgagaaggga cgtttccatc attcacagtg ccctccccac 1260

```



```

agcactacct cagcccgagc cccaccctca ctctacccc accccgcgat cgtcaggggt1320
gccacggtgg gccggagggg gcccgcgcgg ggcctgttcc tgttgccggt ccctgaaaaa1380
gcttttcccc ttttgaaatt caagcac                                     1407

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 286 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

30 ctctcggtct cgcctggcag cagctccgcc gccagaggc gtccgagacc ctccgactcg 60
 tgggtacgca taggcctcgc cagcgagcct tgcccaggca acgagtcgcc agcccggccc120
 ctgcgcgcgg gctaggtctc acctgccac cagtacgtct tggacaagta gtgccagggtc180
 tgatgccggg tgtggtgagt gccgccggga ccaggtgcg ccgcctcgat gaggtcccgg240
 cgtcgctccg gctgcagcac cacctccagc tccgcgaagg tcttgc 286

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 815 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

5
 cgccctcgttt gcaactgggtg ctggacagcc gacgcaacta caaatggggc ggagtttcgg 60
 cactggagca gctaatttgc atataggaat gagctcccac aaacacgaga agttccagca120
 agttcgccac ttccggttct cctggctatc caatagcatc gagtggagca tccccggaag180
 tgaggcagcg gaggacgacc tttttccggg tccggcctgg cgagagtgtg tgcggcgaca240
 10 tgaactgct taccacaat ctgctgagct cgcattgtgc ggggggtggg tcccgtggct300
 tccccctgcg cctccaggcc accgaggtcc gtatctgccc tgtggaattc aaccaccaact360
 tcgtggcgcg tatgatacct aaagtggagt ggtcggcggt cctggaggcg gccgataact420
 tgcgtctgat ccagggtgcc aaaggggcgg ttgagggata tgaggagaat gaggagtttc480
 tgaggaccat gcaccacctg ctgctggagg tggaagtgat agagggcacc ctgcagtgcc540
 15 cggaatctgg acgtatgttc cccatcagcc gcgggatccc caacatgctg ctgagtgaag600
 aggaaactga gagttgattg tgccaggcgc cagtttttct tgttatgact gtgtattttt660
 gttgatctat accctgtttc cgaattctgc cgtgtgtatc cccaaccctt gaccaatga720
 caccaaacac agtggttttg agctcggtat tatatatatt tttctcatta aaggtttaaa780
 accaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt cgacg 815

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

45 tttctcgaac cttctctttt ctttcttttt tgcaactgtgc aaatatattg actttatttg 60
 tctcctttca ggagcctcac agacatatcc aggtaaaaag atcgttaaat aaatgccttc120
 agccatcgca atgcaaaaat aaatatcaat cctccagacg cagtagcagc cgcgctgcgc180
 ccaaagtccc aacggccacg cctaacaatt ataaaagtgt tcagcgagag tgttggcgtg240
 agtgtgaatg ggtgtgcgct ggggggcacg gtggagcggt gtgcaaaatc ggagttgcaa300
 50 accatcggac aagggcattg agtggctacc cgccgccgac tcagcgcggg cgcgctcccc360
 ccacacact cacagcagag ttcgcactgg gaagagttaa aaaataaaca ttacaaggga420
 cgaggaaagc ggccccgctc ccggcgctcc cgggccaggg cgagcgcggc gaggggcgca480
 ccgaccggtt cgcagcgggg cgggagtccg aagcgcgcca ggagcgggcg gtcccgggtc540
 cttgcggg 548

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 493 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

gcaagatggc tgcctgaca gccgagattt tgcagcactc cagagcctgc tcaaggcctc 60
ctcgaaagat gttgtcagac agctgtgtca agaaagcttt tccagttcag cccttggtt120
gaaaaaactc ttggatgta catgttccag cttgtctgtg acccaggagg aggcagagg180
actgtccag gctctgcacc gcctcactag gctggtggca ttccgtgacc tgcctctgc240
cgaggcaatt ctggctctct ttccagaaaa ttccaccaa aacctcaaaa acctgctgac300
aaagatcatc ctagaacatg tgtctacttg gagaaccgaa gcccaggcaa atcagatctc360
tctgccacgc ctggtcgatc tggactggag agtggatatc aaaacctcct cagacagcat420
cagccgcatg gccgttgccc cacctggcct gggtccagat ggaagggttc aaggagggttc480
ccaggctatg ggg                                     493
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1063 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

5  cgctccccc tccaactctc aaccacttc tccagccagc gccccagccc tcccgcgcgc 60
   cgctcgagg tcccaggag cgcagactgt gtccctgaca atgggaacag ccgacagtga 120
   tgagatggcc ccggaggccc cacagcacac ccacatcgat gtgcacatcc accaggagtc 180
   tgccttgccc aagctcctgc tcacctgctg ctctgcgctg cggccccggg ccaccagggc 240
   caggggcagc agccggctgc tgggtggcctc gtgggtgatg cagatcgtgc tggggatctt 300
10  gagtgcagtc ctaggaggat tttctacat ccgcgactac accctcctcg tcacctggg 360
   agctgccatc tggacagggg ctgtggctgt gctggctgga gctgctgcct tcatttacga 420
   gaaacggggg ggtacatact gggccctgct gaggactctg ctacgctggg cagctttctc 480
   cacagccatc gctgccctca aactttggaa tgaagatttc cgatatggct actcttatta 540
   caacagtgcc tgcgcgatct ccagctcgag tgactggaac actccagccc cactcagag 600
15  tccagaagaa gtcagaaggc tacacctatg tacctccttc atggacatgc tgaaggcctt 660
   gttcagaacc cttcaggcca tgcctctggg tgtctggatt ctgctgcttc tggcatctct 720
   ggcccctctg tggctgtact gctggagaat gttcccaacc aaagggaata gagaccagaa 780
   ggaaatgttg gaagtgagt gaactagacc atgcctctcc tgattattag tgctgggtgc 840
   ttctgcaccg ggcgtccctg catctgactg ctggaagaag aaccagactg aggaaaagag 900
20  gctcttcaac agccccagtt atcctggccc catgaccgtg gccacagccc tgctccagca 960
   gcacttgccc attccttaca ccccttcccc atcctgctcc gcttcatgtc ccctcctgag 1020
   tagtcatgtg ataataaact ctcatgttat tgttcccaaa aaa 1063

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 472 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

50  cggctcgagg cggcgcgatg gcgccggggc tggcgcggct cctgttgctc ctccgggctct 60
   cggccggcgg gccgcgccc gcaggtgcag cgaagatgaa ggtggtggag gagcccaacg 120
   cgtttggggg gaacaacccg ttcttgctc aggcagtcg cctccaggcc aagagggatc 180
   cttcaccgtg gtctggaccg gtgcctctct tccgactctc gggcaagtgc ttcagcctgg 240
   tggagtccac gtacaagtat gagttctgcc cgttccacaa cgtgaccag cagagcaga 300
   ccttcgctg gaacgcctac agtgggatcc tggcatctg gcacagatgg gagatcgcca 360
   acaacacctt cacgggcatg tggatgaggg acggtgacga ctgccgttcc cggagccggc 420
55  agagcaaggg ggagctggcg tgtgcgagcc cgagcaactg cgtctaaggg gt 472

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 2568 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25 catctctctg cagtgccttc ctgcctgtg cagcccgcgc acccacaggc tcacccctcc 60
 tgccgggtgc cagaagcccc ctccagcagg gcctctctcc gtggccccag cttcactctc 120
 tccctcagca catgccttgc tggaggcccc agccctccgt ggacagcagg ggccacgtgg 180
 agcccggggc gctcaccgcg gaccagtgcc tggcgcctt cttggtgcca aaccccttc 240
 cccaccccag agactgggca gctgtgtctg gttcgttctt tgcactaacc acatttgtca 300
 30 tctctagggc aggtctgggc tgcgggtga gggggaccgc tggcaccccc cttccctccc 360
 ttcttggttc catttccatc catgacaggt acagcatccc aggagcccgg cctgaggggc 420
 tggaccgcag ccggctgtga acatccctca gcccctgtg tcccccttg ggactaacca 480
 ctaacctcac ccccaaaact caccgggtgcc cctagctggc ccagagccgg cagtgtgagc 540
 ccaagtccgg gctggagccg aggcgggagc agctgtcttg gactcaaggc tgcagttagc 600
 35 ttcttctatg ggggtctcca ggggttgcca cagaccgaca ggcagccaa gggcctggac 660
 accctcccc aggcagggtgc tgccccagga ggactgtcct cgggaatgaa cctcccgcgg 720
 gctttggact gaggtccctg tggcctcggc ctccctccca tgaagtggga gcgaggctcc 780
 ccaatggtgc ttttggttt agtgtacgat gttgtgtgtg cttcccgcgg tggagggcag 840
 agccacccca catcaggatc ggacgtgcta cccctcccgg tcccggccct ggccagcca 900
 40 gccacgccct cgaggctcga tgccctgtgc aaggccaggg gcagccagag ggcagctgga 960
 tggccacgtg caggggtcaa ggctgggccc tgcagtgggg cgggcccga gcccagcag1020
 ttacagacg catggtctt cctcccagag cagccggcag ctacctggac cggaaatgtc1080
 ctcatccct ccctggggcc aggtctgtcc ctggccttcc tctgtgaacc cctcctttct1140
 ttgtgctggt gtctgggacc aaaaaggggg aatatgggag ggcagagtgg ggaggggagt1200
 45 ccatgggcct ggggccccaa gccggggcgt ctgagctccc caggcatgac caaacctcag1260
 tggaggggccc tctgcttcag gcccgcctg gctgacatc tgagccccc tggagggccc1320
 cgccacagcc aacctgcca gtctttctc tgggcttgac ccgccaggga gttctccagg1380
 cctagggcca ggagagaggc cctggcacc tggcgtgggt gcccgccaaa cgccctgcga1440
 ccgctcagaa gcacaaatgc tgtccatggc cgtgaggtc cctgccaggt gaatggacat1500
 50 agcgtgagag gcggtgaggc cagggcttc agctcgtgc tgtctcgga cctcagccg1560
 tgggtgctgc gtgtgcccgt ctgtgacttt ctactacca aggttgaaga aaggaaacgg1620
 ggaaatcaa aagggttca aacccacct cagttaggtg aggggagcgc ctgccattgg1680
 ttgtattttt gttctgagtt ttccgtgccc tgttctaac tactccatcc catgacctcg1740
 ccacacctac tggggcatct ggtggtgcc tgetgccatg gccagcccc actctcacc1800
 55 tgcacagggg gtcttgagc cccagggccc acagcctcgt tgggaggaca ggggtggcct1860
 ggggacaaga gggaggagcc caggggctta cctcactgag agtgctcccc agcaggcatc1920
 cactacccca gggccccca catgtcatgg caaggttgg agtgaatgg cctggttggg1980
 agcagccct ggccattgc ccaccaccc atctcactat gcaattcgag ttccaagcaa2040

catttgctcc tgcctgagg ccagctctgc cccagccctg agaggggtgg tgaggcagcc2100
 ccctggaccc cagaaccca gacaagggg caggcgggg accaggcct ctcctgtgg2160
 atctttgtt tgtgttaac cataatggt gtgtactgaa ccacttcata tttgtatat2220
 ataatatata tatataaat ctcttaaga ctcagcctcc tggtttacc cccggcctg2280
 5 ggcattctgac ctccccacc ccagtgtgat ttaacatcca ggaactgagg cctgaaccat2340
 tttgcatttc cccctcctcc agcctctgta gggccatggc tgtatgtact gtcgtgtgt2400
 tttttgttt ttttagaact gggtttggg gctgattttt atttcttgg gggcttttt2460
 tcttgcaaaa tactaaaaat ctctcaatg taatttctgt ggtttctatt cagcttgggt2520
 ttcattgtttt aaaataaatt ttaaaaagca aaaaaaaaa aaaaaaa 2568

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 239 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

35 cgcgatggcg ggggggctgg cgcggctcct gttgtctctc gggtctctcg ccggcgggcc 60
 cgcgcccga ggtgcagca agatgaaggt ggtggaggag cccaacgcgt ttgggtgagc120
 agcctcgcgg gctggcggt cgagcgggg acggcccggg cccgttcccc gctgacctg180
 ccgcttcccg taggtggaac aaccgttct tgcctcaggc cagtcgctc caggccaag 239

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 482 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

10 ctccaagctt ggccctggcca acactcggtta ggcagaatga tcacctccgt tgtttcaggt 60
   actctgtgtt tatttatgca acagttcatg taaaatggag acgaggccag aagaatcctt120
   gagcagacag agccagttgg gcctcctaag tgaccttaac cttgcttgat ttgcaagcat180
   gtctgaaact ttatttgttg tatttccttg aaatgcctat gttaaagaaa cacagaactt240
   aagctcaacc aatcagaagc agccaacaaa aacgtaatta gtaactagga cttcctcatg300
15 ggatagacca aataaggcaa ctgtataact gtgtaactgt ataactgtaa ccaatgaaat360
   attatctttg cttttatcta tttgtcctaa aaagcctcct cctcatgttc tctctgggga420
   gctccctagc cacttctgga tcactgctca aataaactct taaatatttt aaaaaaaaaa480
   aa                                         482

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 641 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 25 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

45 gagagcagta ggtgttagca gcttggctgc gacaggggag ctaggtagag cgccgggacc 60
   tgtgacaggg ctggtagcag cgcagaggaa aggcggcttt tagccaggta tttcagtgtc120
   tgtagacaag atggaatcat ctccatttaa tagacggcaa tggacctcac tatcattgag180
   ggtaacagcc aaagaacttt ctcttgctca caagaacaag tcatcggcta ttgtggaaat240
   attctccaag taccagaaag cagctgaaga aacaaacatg gagaagaaga gaagtaacac300
   cgaaaatctc tcccagcact ttagaaaggg gaccttgact gtgttaaaga agaagtggga360
50 gaaccagagg ctgggagcag agtctcacac agactctcta cggaacagca gcactgagat420
   taggcacaga gcagaccatc ctctgctga agtgacaagc cacgctgctt ctggagccaa480
   agctgaccaa gaagaacaaa tccacccag atctagactc aggtcacctc ctgaagccct540
   cgttcagggt cgatatcccc acatcaagga cggtgaggat cttaaagacc actcaacaga600
   aagtaaaaa atggaaaatt gtctaggaga atccaggcat g                                         641
55

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 381 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

25 aagttgatga cctacgctct tactttctgct tgccaggagt aactgaaagc aaacaccaca 60
 gtctgttggt tattagcttt taaaggcttg tcaacattcc ttgtaacaa tttctttttg120
 ggtagccttt tataaaatgc gtaggtgatg agtgatccag cagacaaggc ggctcgagcc180
 gattcggctc gagcggctcg aggtaaaaga aaaaaaatg tggaggaaaa catggcctac240
 tcagctttga tgggaagtggc tggttactgc ttaatagaga gaatgctttg gaatcctatg300
 30 ttgaaaataa aaagtgtttg gttgtgcagt tatgcggtca tggtcattcc cagacagttg360
 gctaagggtt agtggtcttc t 381

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1539 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

5  ctggggacag gaagcccctg taccattatg gtcggggcat gaatcccgtg gacaaaccag 60
   cctgggcccg agaggtaaaa gagagaacaa ggatgaacaa gcagcagaac tctcccttgg 120
   ccaagagcaa gccaggcagc acggggcctg agccccccag cccccaggcc tccccagggc 180
   ccccaggcct cccctgggcc cccaaaccct accacaaatt catggccttc aagtcctttg 240
   ccgacctccc ccaccgccct ctgctggtcg acctgacagt agaggagggg cagcggtcca 300
   aggtcatcta tggctccagt gctggcttcc atgctgtgga tgtcgactcg gggaacagct 360
10 atgacatcta catccctgtg cacatccaga gccagatcac gccccatgcc atcatcttcc 420
   tccccaacac cgacggcatg gagatgctgc tgtgtacga ggacgagggt gtctacgtca 480
   acacgtacgg gcgcatcatt aaggatgtgg tgtgtcagt gggggagatg cctacttctg 540
   tggcctacat ctgctccaac cagataatgg gctggggtga gaaagccatt gagatccgt 600
   ctgtggagac gggccacctc gacggggtct tcatgcacaa acgagctcag aggtcaagt 660
15 tcctgtgtga gcggaatgac aagggtgttt ttgcctcagt ccgctctggg ggcagcagcc 720
   aagtttactt catgactctg aaccgtaact tcatcatgaa ctggtgacgg ggccctgggc 780
   tggggctgtc ccacactgga cccagctctc cccctgcagc caggcttccc gggccgcccc 840
   tctttccctt ccctgggctt ttgcttttac tggtttgatt tctactggagc ctgctgggaa 900
   cgtgacctct gaccctgat gctttcgtga tcactgtacc atcctcttcc ccaacatgtc 960
20 ctcttcccaa aactgtgcct gtccccagct tctggggagg gacacagctt ccccttccca 1020
   ggaattgagt gggcctagcc cctccccctt tttctccatt tgagaggaga gtgcttgggg 1080
   cttgaacccc ttaccccact gctgctgact gggcagggcc ctggaccctt ttattgcac 1140
   gtcaggggag ccggtctccc ccttgaatgt accagaccct ggggggggtc actgggccc 1200
   agatttttgg ggggtcacca gccactccag gggcagggac catttcttca ttttctgaa 1260
25 gcactttaat gatccccctg ccccaaaact ccagggaatg gaggggggag cccgccagcc 1320
   aaaacatgcc cccattccg gacccccctc tcctcttcta gccatgccc ttccccggtg 1380
   gagggaggga gcaggaggcc ctcaactctc acgccccttg cttgcatccg catatagtgt 1440
   gagcagcaag taaccttctt cctccttccc cagtcacccc tcctcaatgt agtggccttg 1500
   aattgtcttt attaacaaac aggatatcca aggtcgagc 1539
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2195 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 40 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```

55  gctccgagga aggcctgtgg gagtctcgga gacgtgtctg tctgtgaggc gctgggtgca 60
   cgtccccagg gctctgggct aggaaggcag cggcgagggt cctccccacg taccctcgc 120
   gggcccagcc gagcaacgtg gggcgaaggc ggcggcgaag gcccgggctg ggagcgttgg 180

```

```

cgcccgaggt cccagccatg ggggagtcctg tggagcgcct gcagcagcgg gtccaggagc 240
tggagcggga acttgcccag gagaggagtc tgcagggtccc gaggagcggc gacggagggg 300
gcggccgggt ccgcatcgag aagatgagct cagagggtggt ggattcgaat ccctacagcc 360
gcttgatggc attgaaacga atgggaattg taagcgacta tgagaaaatc cgtacctttg 420
5 ccgtagcaat agtaggtgtt ggtggagtag gtagtgtgac tgctgaaatg ctgacaagat 480
gtggcattgg taagttgcta ctctttgatt atgacaagggt ggaactagcc aatatgaata 540
gacttttctt ccaacctcat caagcaggat taagtaaagt tcaagcagca gaacatactc 600
tgaggaacat taatcctgat gttctttttg aagtacacaa ctataatata accacagtgg 660
aaaactttca acatttcctg gatagaataa gtaatggtgg gttagaagaa ggaaaacctg 720
10 ttgatctagt tcttagctgt gtggacaatt ttgaagctcg aatgacaata aatacagctt 780
gtaatgaact tggacaaaca tggatggaat ctggggctcag tgaaaatgca gtttcagggc 840
atatacagct tataattcct ggagaatctg cttgttttgc gtgtgtctca ccacttgtag 900
ttgctgcaaa tattgatgaa aagactctga aacgagaagg tgtttgtgca gccagctctc 960
ctaccactat ggggtgtggt gctgggatct tagtacaaaa cgtgttaaag tttctgttaa1020
15 attttggtag tgtagtttt taccttggat acaatgcaat gcaggatttt tttctacta1080
tgtccatgaa gccaaatcct cagtgtgatg acagaaattg caggaagcag caggaggaat1140
ataagaaaaa ggtagcagca ctgcctaaac aagaggttat acaagaagag gaagagataa1200
tccatgaaga taatgaatgg ggtattgagc tggtagctga ggtttcagaa gaggaactga1260
aaaatttttc aggtccagtt ccagacttac ctgaagggaat tacagtggca tacacaattc1320
20 caaaaaagca agaagattct gtcactgagt taacagtgga agattctggt gaaagcttgg1380
aagacctcat ggccaaaatg aagaatatgt agataatgga ctgggatata ttgtatttct1440
catgttaaag cctcttccct tgaaattaaa aaaaaatttt aactgataaa acttagggca1500
acattaatta atgtatatc ttacctgaat tgttatactt tttgaaaatc ctgtgacttg1560
cctgtttctc cccgctccaa cgaaatcatt aactctccta aaatgtgttt cattctagta1620
25 agaaaacctc aaaggatatt gtaggatata aatcttactt gaaaacatag ctgttgaaat1680
gttttggcct tttggagtg gggaaggaca aatctgatcc tgtaatcttt ttctttccag1740
taatcccttg tgtctgttg atgaggacat ggacaataaa gtagtatatg atcctcagat1800
acagggagaa ggacaaggca tacagcttat tgattagagc tggcaagcat ctgctcatt1860
tgtttggaat tgctttctat aagaaaattg cccactacta ctaacttgat caacaatgaa1920
30 ttcaaaatag ttaacctatg aaataacatc ctctcaaag tttgctgatg aagtacaagt1980
tgaaatgtag ttattggaaa agtctgtaac ctgtggatca tatatattca aagtgagaca2040
aaggcaata aaaagcagct attttcatga atagaaaaaa aaaaaatttc aggaagtata2100
aattatattc tgcaccgaac aaggaacaga aattattgca tctgtggaag catatatctg2160
ggagttacta ttactttact ggaaggcca agggc 2195
35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 45 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

gtttgctgctc cttttttaaa ggattccaag ccatgtgaaa ttcccttctg gatgtgattc 60
tgggtcgcaa gtccttattt atatgtgagg ctggggaatg ggctgggggt attggcagtc 120
5 cttttgcagg gcagtgtgtg tgggtggggtg acaccgctgt ggcttagccc aagacactcc 180
cagaggaaaa cactgcagaa ggaactgggt tgcagactgt ggaaggatct gcagttttgt 240
ttttgaccaa aaaaataata ataagttage tctgaagggt agagggaata cccaagcccc 300
tgatgcctat gagaagtccc tggacttcaa ccctcctgtt gtttggcctt agcccagagg 360
gagctgctca cctgagcacc cttgggggtg ggcagagagg cagggtggga ttttagagtt 420
10 agtgtctgtg cgggggcagc cctgagcctg gagttagagac tttgggtctt cttagtttg 480
aggtgttgag tgcatttgtg ccctgcctg gttgagagct tcttggtacc tcttgccacc 540
ccttctcact gccctgaccc aacccactg gaccttgatg ctgcgaggag tgggtgcctg 600
acggactcag cactccgcc tgatgtattg gatcatagga gagcacttgc tctcctgcct 660
ctgccaggag agggcctgtt cctccaactc taggaggcca ggcaagcatg gacaggagcc 720
15 aagggtgagc ggtcattaac tttttcttct ttgcaaagtg ggcacttggc atcagggtcc 780
caatcaccag aaagcaccaa agcccctggc accccacca ctccatccta cccagggacc 840
ccaagtaggc aactgttatg gcagtgggtc cagcccaggc cagcactgcc agcctcctc 900
ccctgcagta ggcaccagct ctacctcccc cggcaggcaa tgtcctggct tctcagcccc 960
gcaccatctg ttcccctaga cttctcaggg gccagccag tctgggccac ctttgtttc1020
20 cctcactctc ggctcccaca caggtgacag acccagcaga tagcttctc ctgggaaagg1080
ttggatgctg ccttacatcc ccttctagcc ctctcccat ccacacacac aggcaccac1140
ccacaccagg tcggcttgtt tctcacatgt agggagagag gggagaccaa cccctttgtg1200
tcttttgaaa tacgaagaaa aatgtgtgtt caggagcatg actccagtgc tgcgctcttg1260
ggcctagttc agtctgtctt gtctcaaatc taggcatttt tgcttcaatt ttattttttt1320
25 taaaacattt ttttgggtgt cccgttggtt ttggaataat ttggctaaca ttggtaaaag1380
gtaagggggt taaaatataa ggtaatattt 1409

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

ggaatcttta agcaatcata cggggaaaaa gggcccatca cttcacaagg agccacaatt 60
agactcctca acagacatga ttgaggctgg aagataaggg aatgggtatc tcttcaaaagc 120
cgaaagaata ggaccacacc tgccaggatt tgggtgttta aatataaatc tgatcacccc 180
55 cctgcttaga acccttctgc tttctattac ccctcattha aaatgtaaac tcttcacctt 240
ggtttatgag aactggttct tgcctcccc ttgaacctca ttaaagtgtg atttcttgct 300
aagctccagc ccgagtgggt tcctctcagc ttctaatttt gtgctctttc ctgccctttt 360

```

```

cctgggcctt ctcagctctc cccccccacc actcttgact caggtggtgt ccttcttcct 420
caagtcttga caattcccgg gcccttcagt ccctgagcag tctacttctg tgtctgtcac 480
cacatcttgt cttttcccct cattgcattt attgcagttt atatatatgc tactttttact 540
tgttcatttc tgtctcccct accaggctgt aaatgagggc agaaaccttg tttgttttat 600
5 tcaccatcat gtaccaagtg cttggcacat agtgggcctt cattaaatgt ttgttgaata 660
aaagagggaa gaaggcaagc caaccttagc tacaatccta ccttttgata aaatgttcct 720
tttgacaata tacacggatt attatttcta ctttgttttt ccatgtgttt tgctttttatc 780
cactggcatt tttagctcct tgaagacata tcatgtgtga gataacttcc ttcacatctc 840
ccatggcccc tagcaaaatg ctaggcctgt agtagtcaag gtgctcaata aatatttgtt 900
10 tgggtggttt gtgagccttg ctgccaaatc ctgccttttg gtgcgacatag tatggaagta 960
tttgagagag agaacctttc cactcccact gccaggattt tgtattgcca tcgggtgccal1020
aataaatgct catatttatt aaacaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080
aaaa
1084

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 2860 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

tctctggtga ttcttttcct ggcagttccc cttatgaggg ttacaactat ggctcctttg 60
40 agaatgtttc tggatctacc gatggtctgg ttgacagcgc tggcactggg gacctctctg 120
acggttacca gggccgctcc tttgaaccgg taggtactcg gccccgagtg gactccatga 180
gctctgtgga ggaggatgac tacgacacat tgaccgacat cgattccgac aagaatgtca 240
ttcgacacaa gcaataacctc tatgtggctg acctggcacg gaaggacaag cgtgttctgc 300
ggaaaaagta ccagatctac ttctggaaca ttgccaccat tgcgtctctc tatgcccttc 360
45 ctgtggtgca gctggtgata acctaccaga cgggtggtgaa tgtcacaggg aatcaggaca 420
tctgctacta caacttcttc tgcgcccacc cactggggcaa tctcagcgcc ttcaacaaca 480
tcctcagcaa cctggggtac atctgctggt ggctgctttt cctgctcatc atcctgcaac 540
gggagatcaa ccacaaccgg gccctgctgc gcaatgacct ctgtgccctg gaatgtggga 600
tccccaaaca ctttggtgct ttctacgcca tgggcacagc cctgatgatg gaggggctgc 660
50 tcagtgtctg cgatcatgtg tgccccaaact ataccaattt ccagtttgac acatcgttca 720
tgtacatgat cgccggactc tgcatgctga agctctacca gaagcggcac ccggacatca 780
acgccagcgc ctacagtgcc tacgcctgcc tggccattgt catcttcttc tctgtgctgg 840
gcgtggtctt tggcaaaagg aacacggcgt tctggatcgt cttctccatc attcacaaca 900
tcgccaccct gtcctcagc acgcagctct attacatggg ccggtggaaa ctggactcgg 960
55 ggatcttcog ccgcatcctc cacgtgctct acacagactg catccggcag tgcagcgggc1020
cgctctacgt ggaccgcatg gtgctgctgg tcatgggcaa cgtcatcaac tggctcgctgg1080
ctgcctatgg gcttatcatg cgcccgaatg atttcgcttc ctacttggtg gccattggca1140

```

```

tctgcaacct gctcctttac ttcgccttct acatcatcat gaagctccgg agtggggaga1200
ggatcaagct catccccctg ctctgcatcg tttgcacctc cgtggtctgg ggcttcgcgc1260
tcttcttctt cttccaggga ctcagcacct ggcagaaaac ccctgcagag tgcagggagc1320
acaaccggga ctgcatcctc ctcgacttct ttgacgacca cgacatctgg cacttcctct1380
5 cctccatcgc catgttcggg tccttcctgg tgttgctgac actggatgac gacctggata1440
ctgtgcagcg ggacaagatc tatgtcttct agcaggagct gggcccttcg cttcacctca1500
aggggccctg agctcctttg tgtcatagac cgttcaactc gtcgtgctgt ggggatgagt1560
cccagcacgg ctgcccagca ctggatggca gcaggacagc caggctctagc ttaggcttgg1620
cctgggacag ccatgggggtg gcatggaacc ttgcagctgc cctctgccga ggagcaggcc1680
10 tgcctcccctg ggacccccag atgttgacca aattgctgct ttcttctcag tgttggggcc1740
ttccatgggc ccctgtcctt tggctctcca ttgtccctt tgcaagagga aggatggaag1800
ggacaccctc cccatttcat gccttgcat tggcccgctc tcctcccccac aatgccccag1860
cctgggacct aaggcctctt tttcctccca tactccact ccagggccta gtctggggcc1920
tgaattctctg tcctgtatca gggccccagt tctctttggg ctgtccctgg ctgccatcac1980
15 tgccatttcc agtcagccag gatggatggg ggtatgagat tttgggggtt ggccagctgg2040
tgccagactt ttggtgctaa ggcctgcaag gggcctgggg cagtgcgtat tctcttccct2100
ctgacctgtg ctcagggctg gctcttttagc aatgcgctca gcccaatttg agaaccgcct2160
tctgattcaa gaggtcgaat tcagagggtca cctcttcatc ccacagctc ccagactgat2220
gccagcacca ggactggagg gagaagcgcc tcaccccttc ccttccttct ttccaggccc2280
20 ttagtcttgc caaaccctag ctggtggcct ttcagtgcc ttgacactgc ccaagaatgt2340
ccaggggcaa aggagggatg atacagagtt cagcccggtc tgccctccata gctgtgggca2400
ccccagtgc taccttagaa aggggcttca ggaagggatg tgcgtttcc ctctacgtgc2460
ccagtcctag cctcgctcta ggaccaggg ctggcttcta agtttccgtc cagtcttcag2520
gcaagttctg tgttagtcat gcacacacat acctatgaaa ccttggagtt taaaaaat2580
25 tgccccagct ctggggcacc tggccacct ggtccttggg tccccttcgt cccacctggt2640
ccacccccaga tctgaggat gggggagctc aggcggggcc tctgctttgg ggatgggaat2700
gtgtttttct cccaaacttg tttttatagc tctgcttgaa gggctgggag atgaggtggg2760
tctggatctt ttctcagagc gtctccatgc tatggttgca tttccgttt ctatgaatga2820
atctgcattc aataaacaac cagactcaga taaaaaaaaa 2860
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2137 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```

55 gtccgctttc gtctccgtcc tgcgtccgtt accgccgtg ctgccgccgc ttgcgtcccc 60
cgctccggtc tgtggtgcag ccgggaccca ggaccatgtc tctgtctcgc tcagaggaga 120
tgcaccggct cacggaaaat gtctataaga ccatcatgga gcagttcaac cctagcctcc 180

```

```

ggaacttcat cgccatgggg aagaattacg agaaggcact ggcaggtgtg acgtatgcag 240
ccaaaggcta ctttgacgcc ctggtgaaga tgggggagct ggccagcgag agccagggtc 300
ccaaagaact cggagacgtt ctcttccaga tggctgaagt ccacagcgag atccagaatc 360
5 agctggaaga aatgctgaag tcttttcaca acgagctgct tacgcagctg gagcagaagg 420
tggagctgga ctccaggtat ctgagtgtg cgctgaagaa ataccagact gagcaaagga 480
gcaaaggcga cgccctggac aagtgtcagg ctgagctgaa gaagcttcgg aagaagagcc 540
agggcagcaa gaatcctcag aagtactcgg acaaggagct gcagtacatc gacgccatca 600
gcaacaagca gggcgagctg gagaattacg tgtccgacgg ctacaagacc gcaactgacag 660
aggagcgag gcgcttctgc ttctgtgtg agaagcagtg cgccgtggcc aagaactccg 720
10 cggcctacca ctccaaggc aaggagctgc tggcgagaa gctgccgctg tggcaacagg 780
cctgtgccga cccagcaag atcccggagc gcgcggtgca gctcatgcag caggtggcca 840
gcaacggcgc caccctcccc agcgccctgt cggcctccaa gtccaacctg gtcatttccg 900
acccattcc gggggccaag cccctgccgg tgccccccga gctggcaccg ttcgtggggc 960
ggatgtctgc ccaggagagc acaccatca tgaacggcgt cacaggcccg gatggcgagg 1020
15 actacagccc gtgggtgac cgcaaggctg cccagcccaa atccctgtct cctccgagt 1080
ctcagagcaa gctcagcgac tcctactcca acacactccc cgtgcgcaag agcgtgacct 1140
caaaaaacag ctatgccacc accgagaaca agactctgcc tcgctcgagc tccatggcag 1200
ccggcctgga gcgcaatggc cgtatgcggg tgaaggccat cttctccac gctgctgggg 1260
acaacagcac ctcctgagc ttcaaggagg gtgacctcat taccctgctg gtgcctgagg 1320
20 ccgcgatgg ctggcactac ggagagagtg agaagaccaa gatgcggggc tggtttccct 1380
tctcctacac ccgggtcttg gacagcgatg gcagtgcag gctgcacatg agcctgcagc 1440
aagggaagag cagcagcacg ggcaacctcc tggacaagga cgacctggcc atcccccccc 1500
ccgattacgg cgccgcctcc cgggccttcc ccgcccagac ggccagcggc ttcaagcaga 1560
ggcctacag tgtggccgtg cccgccttct cccagggcct ggatgactat ggagcgcggt 1620
25 ccatgagcag cgccgatgtg gaagtggcca gattctgagc cgcctgacta gagttagaat 1680
ccctttgccc acgtccagct gaagccgaca gtgaccaacg acaggctctg cccctcctc 1740
agctgatggc cacatctgca gtgctgccc tctggtggct tccccgccc tcccatgta 1800
gctgttctg tcatcatctg tgcgttctg tgtagagaac atccaggccc cggctgcctg 1860
gtcttgcccc acttgagtct ggcctggact ggatcccagc tgttctagga agggccgggc 1920
30 agagtggggc gcaggccct gaagggcgag acccagtggc tgggctgccc agggctgagg 1980
ggccgcctct tgagggtaca cgcctctggt cacatggcca tggagccttg ggtaccctg 2040
agttaaggga ggacatttg ccagctggtg gctgggaggg gagcctggct gccctgctg 2100
ttctcctgcc taataaacag gcttctcctg caaaaaa 2137

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2410 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

5   ttgagcagac acaggtgcag gcagtgggtga ctctacaggc cctgctattc cgggcccttt 60
   tgcaacgttg tggaacaat aaaattttga cgtagccatc ctccatttgg aagtctggtg 120
   gctgggtttgc cgtggaaatg accctgtttt tatttccaga attacctctg ggtttagaga 180
   agtgggtttt aaacgagtgt gggtaaaaaa aattacctga ggtacttgtc agagtcgcag 240
   acttctaggt cccacccagc tctcatcaat cagtttagtg aggggtggtg ccaggactct 300
   gattttaaac atacccttag aaagattctg atacaggtag aggtgagaag ccctggttta 360
   gaggcagctc ggctccctt catggtggga ccagggccag cagggaatgt cagggccacc 420
   cctgaccttc actgtgactt ctggcttgca gagggtggcc cgggaggaga tgggtggagg 480
10  agctcaacag cgggaagggtg atgtacgcct tctgcagagt gaaggacccc aactctggac 540
   tgccaaatt tgtcctcatc aactggacag gcgaggcggt gaacgatgtg cgggaaggag 600
   cctgtgccag ccacgtcagc accatggcca gcttctgaa gggggcccat gtgaccatca 660
   acgcacgggc cgaggaggat gtggagcctg agtgcatcat ggagaagggt gccaaaggtg 720
   caggtgccaa cacaagcttt cacaaggaga gtggccgctt ccaggacgtg ggaccccagg 780
15  cccagtggtg ctctgtgtac cagaagacca atgccgtgtc tgagattaaa agggtttgta 840
   aagacagctt ctgggccaaa gcagagaagg aggaggagaa ccgtcggctg gaggaaaagc 900
   ggccggccga ggaggcacag cggcagtgga gcaggagcgc cgggagcgtg agtgcgtag 960
   gctgcacgcc gggagcagcg ctatcaggag cagggtggcg aggccagccc ccaggagcag 1020
   tgggagcagc agcaagaagt ggtttcaagg aaccgaaatg agcaggagtc tgcctgcac 1080
20  ccgagggaga ttttcaagca gaaggagagg gccatgtcca ccacctccat ctccagtcct 1140
   cagcctggga agctgaggag ccccttctg cagaagcagc tcacccaacc agagaccac 1200
   tttggcagag agccagctgc tgccatctca aggccaggag cagatctccc tgctgaggag 1260
   ccggcgccca gcaactcctc atgtctggtg caggcagaag aggaggctgt gtatgaggaa 1320
   cctccagagc aggagacctt ctacgagcag cccccactgg tgcagcagca aggtgctggc 1380
25  tctgagcaca ttgaccacca cattcagggc caggggctca gtgggcaagg gctctgtgcc 1440
   cgtgccctgt acgactacca ggcagccgac gacacagaga tctcctttga ccccgagaac 1500
   ctcatcacgg gcatcgaggt gatcgacgaa ggctggtggc gtggctatgg gccggatggc 1560
   cattttggca tgttccctgc caactacgtg gagctcattg agtgaggctg agggcacatc 1620
   ttgcccttcc cctctcagac atggcttctt tattgctgga agaggaggcc tgggagttga 1680
30  cattcagcac tcttccagga ataggacccc cagtgaggat gaggcctcag ggctccctcc 1740
   ggcttggcag actcagcctg tcaccccaaa tgcagcaatg gcctggtgat tccacacat 1800
   ccttccctga tcccccgacc ctcccagaca gcttggtctt tgccccctgac aggatactga 1860
   gccaaagccct gcctgtggcc aagccctgag tggccactgc caagctgcgg ggaagggtcc 1920
   tgagcagggg catctgggag gctctggctg ccttctgcat ttatttgcct ttttctttt 1980
35  tctcttgctt ctaagggtg gtggccacca ctgtttagaa tgacccttgg gaacagtga 2040
   cgtagaagat tgtttttagc agagtttgtg accaaagtca gagtggatca tgggtggtt 2100
   gcagcaggga atttgtctt ttggagcctg ctctgtgctc cccactccat ttctctgtcc 2160
   ctctgcctgg gctatgggaa gtggggatgc agatggccaa gctcccaccc tgggtattca 2220
   aaaacggcag acacaacatg ttctccacg cggctcactc gatgcctgca ggccccagtg 2280
40  tgtgcctcaa ctgattctga cttcaggaaa agtaacacag agtggccttg gcctgttgtc 2340
   ttcccttatt ttctgtccca gctcatccgt gtctctgaag aacaaatatg cttttggacc 2400
   aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2333 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

10  tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
    actagaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
    ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagttaa agggctcctt 180
    tcggatctac cctctgccgg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
    attacctgac agcgtccccc aggaatgcac ggtaggatt tacattgttc gaggcttaga 300
    gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
15  aaaagtcat gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
    gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
    ttatgacacc tttacccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
    attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gagtactgtg tttctggagt 600
    caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaatgtcg ccagattcaa 660
20  aggccttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
    ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
    agagcggctt gctcttcaca tctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
    aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttcccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
    ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggcctcctt ttcaacatca cacccgaa 960
25  agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttgacga1020
    gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcttgcaa1080
    tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatggtg aagggaattt1140
    taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc1200
    gaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgat1260
30  cattcagata tgggacaatg acaagtttcc tctggatgac tacttgggtt tcttagaact1320
    tgacttgctg cacacgatca ttcttgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
    tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa1440
    gtccatgaaa ggatggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg1500
    gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gccgacgaga ggccagccgg1560
35  gaaggggagg gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaact gaccagaaac1620
    ctcttccctc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcatcgtgt ggcgcgctt1680
    taagtgggtc atcatcggtc tgctgttctt gcttatcctg ctgctcttcg tggcgtgct1740
    cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tghtaacaag1800
    gcaaaggctt catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tcttgcctct gtagaccaac1860
40  atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
    gccccattga tcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
    atcatgttat ctcttaagta taaaagtgtt tattttctaa agtttaaatc atgtttttca2040
    aaatattttt caaggtggct ggttccattt aaaaatcatt tttttatatg tgtcttcggt2100
    tctagacttc agcttttggg aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
45  gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatc agttagaata2220
    gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgctata ttttgtatgg atgtcataaa2280
    agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaatgtt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

15  gtctctctttt tttctctttt tttttttttt tttttttttc cctgtggaag tgctttttatt 60
    agcagtaagg ctgatcgtac aaaaaattct cagagcttca taggacaagg tagtacaagt 120
    atggatgata caggactgag gaacggggga cggctcaaaa gaaatcaaca tcgtctgggg 180
    catccaggtc ccgatattcc acaatggccc ttgggtctcc acgaaccatc ctggtgcgag 240
    gtttcccagg ataacctccc tggcctcgga aggcatacata gttccctcga ccagcaccat 300
20  acggggcatg ggggatgga gggcctcctg tggggactgc agggcggaaca gcaccagctc 360
    catagcccaa gatcgggggc cggggctgac catagggcac caggccctgg ggagtctggt 420
    gtgggtaggg gagtccctggg gtcaaacctg gggggagtat ctgggcgggc ccagggtggt 480
    gggctggctt gatctcaggc agagctgggc gcttagcatc agtgaggaaag ttgttaaaaa 540
    acgcgacttc ctttttctact tcttcaattt tctctgcatg cttgttgaag atatgtttgc 600
25  gcacaaactc aggaccttg aatttcttgc cactgagagg acacagccac ttatccttgc 660
    ccagtctctg cgtgttggag gtgacgaact tctccacttc ctgctctggg tctttgcgcc 720
    ccattctctg ggcctcttcc tctgagagtg actcccgca actcagcaac ggcgtgagct 780
    tctctcctcaa agtcttctgc cactccagca ctccccctg actgatgcgg ttgggtggca 840
    tgggcccccg aacgtggatg atcccacagc gattgggcat ctgctcctcg ttgggtgact 900
30  cacaggtggt gtaataatcc aaggaatgca cgatgcgcag gtaaaggagg agcttgtcca 960
    agaccttaat caacttctca tcccgcctcca cgttgatctc tgccgggttc ccttccttag1020
    gaggctcctc aggaggagcg cccccgctgc tccccagcag ctctcctcc tcggcgctta1080
    cttcctcgat caggtagtgc gtgatattct tcaagatcgg gttttgcgag ggcaggctcg1140
    tgggcagggg aggcgtccct ggtctgagg cccaaagctg tgcctgtca tccagcgtgt1200
35  ggatcagctt ggcgcgccagc ttgatgtcgt tgcgcacaat ctgcttgtgc tgggtgatgc1260
    cgttgatgtt gcgaacgcgc cgggtcaggt cctgttcac accagggtc agctcacact1320
    cccggagacg gatgttctgc aggttccaac agatctctt aatgttaaca ctgcggtcga1380
    aggtcaccca gccacgacgg aaaaacctcc tctctggctg gggctctgag agcgccaccc1440
    gcataaagcc tgggtacctt ttacaaagg agatgatctc ggcccgggag atgttgggcg1500
40  cgatgttgcg catgaagagg gagcaggtct tatgcagcgg ccgcggcttg cactccagcc1560
    ccgcggcgct cttgggcttc tccattctt cttccttggg cttctccttc tc 1612

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1106 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

10

```

gaaagctctg gctttcaggc tataggaaga gcagaagatg atgccagaag ttgctgggtt 60
aaaaccagcg agtccacccg tccttaccag ctcttcagaa ggaggagacc gacctgata 120
acttaccgga tatttcgtca cagaagacac aaagacacat ccagcgggga ccacctcacc 180
tgcagattag accccaagc caaagacctg aaggatggga cccaggagga ggccacaaaa 240
15 aggcaagaag ccctgtgga tcccggccg gaaggagatc cgcagaggac agtcatcagc 300
tggaggggag cggatgatcga gcctgagcag ggcaccgagc tcccttcaag aagagcagaa 360
gtgcccacca agctcccct gccaccggcc aggacacagg gcacaccagt gcatctgaac 420
tatcgccaga agggcgatgac tgacgtcttc ctgcatgcat ggaaaggata ccgcaagttt 480
gcatggggcc atgacgagct gaagcctgtg tccaggtcct tcagtgagtg gtttggcctc 540
20 ggtctcacac tgatcgacgc gctggacacc atgtggatct tgggtctgag gaaagaattt 600
gaggaagcca ggaagtgggt gtcgaagaag ttacactttg aaaaggacgt ggacgtcaac 660
ctggttgaga gcacgatccg catcctgggg gggctcctga gtgcctacca cctgtctggg 720
gacagcctct tcctgaggaa agctgaggat tttggaatc ggctaattgcc tgccttcaga 780
acaccatcca agattcctta ctggatgtg aacatcggtc ctggagttgc ccaccgcca 840
25 cgggtggacct ccgacagcac tgtggccgag gtgaccagca ttcagctgga gttccgggag 900
ctctcccgtc tcacagggga taagaagttt caggaggcag tggagaaggt gacacagcac 960
atccacggcc tgtctgggaa gaaggatggg ctgggtgcca tgttcatcaa taccacagct 1020
gggcctgttt caccacactg gggcgatatt caggtgggg cgcaggggc cgacagctta 1080
ttattgagtt acctgtttga aaggca
1106

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1370 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

cgcggtggcga ggggcgtaac ggttggttga gtccggcccc ctccctggctg gtccagccac 60
attaaccggc aggatgtcgg aggtgcggct gccaccgcta cgcgccctgg acgactttgt 120
tctggggctg gcgcgtctgg cggctccgga tccatgcgac ccgcagcgat ggtgccaccg 180
cgctcatcaac aacctcctct actaccaaac caactacctt ctctgcttcg gcatcggcct 240
5 cgctctcgcc gggtagctgc ggccacttca tacgtcctg agcgcgctgg tagtgcggt 300
ggccctcggc gtgctggtgt gggcagctga gaccgcgca ctgtgcgccg ctgccgccgc 360
agccaccctg cagcctgcct ggccgagtg cttgccgtcg gcctcctggt gctctgggtc 420
gcgggcggcg cttgcacctt cctgttcagc atcgccgggc cgggtgcttct gatcctgggtg 480
cagcctcgt tgcgcctgcg caaccttaag aacaagattg agaacaagat cgagagcatt 540
10 ggtctcaagc ggacgccaat gggcctgcta ctgaggcac tgggacaaga gcaggaggct 600
ggatcctagg cccctgggat ctgtaccag gacctggaga ataccacccc acccccagcc 660
cataattggg acccagagcc ctttcccagc acttaaaaca ggagcctaga gccccctgcc 720
caaacaaaac aggacatctg tgaccgccct acccccacgc cagcccaaaa ctaagatata 780
cctcacacc agccccatt acctagggac aagagtcttc cccagccttg aacctaggac 840
15 caagagccac ctacatccag ccccaaaaact ggggcttcag gccagagcat ccatggccaa 900
tttcaaattg tgaaccaga gacactccca tccaccttc tccatgctca tcccaaaact 960
ggggcctgga gcaaggcact ctcaaactt gaaccctgga ccaaagcttt tccagacccc1020
accctacctt ccaaccagc tcaagacatt gccaaactt gaactcagaa cccaagtgtt1080
ccatgcccct gtgtggatgg agtcgggtat cctgactgtt ggaccctgg tccaggtgat1140
20 cccgacctc accagtccca tttgcctccc tccagctctg cttaggcatt ttgccccca1200
ccccaatgtt ccacaccatc gacaaccaag gggtaggtg gggacaggcc tcagcaggga1260
atggggcgta tatgttagtg ttgctgcaac aataaagcct gttgcatctc tcatgccaa1320
aaaaaaaaa aagtcgaccg gccgcaaata tagtagtagt agtcgtccgc 1370

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 617 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

ctcgtagttt attaaatgat gtacaatttg gccagtttgg agatgaccca aaggaggaag 60
taatggttct ggagagaatc ttactggcag accatcaagg ttgatttaca ggtagaacat120
ccataaccagt tcctactaaa atatgcaaag caactcaaag gtgataaaaa caaaattcaa180
aagttggttc aaatggcatg gacatttgta aatgacagtc tctgcaccac cttgtcactg240
cagtgggaac cagagatcat agcagtagca gtgatgtatc tcgcaggacg tttgtgcaaa300
tttgaaatac aagaatggac ctocaaaccc atgtatagga gatgggtggga gcagtttgtt360
55 caagatgtcc cggctcgacgt tttggaagac atctgccacc aaatcctgga tctttactca420
caaggaaaac aacagatgcc tcatcacacc ccccatcagc tgcaacagcc cccatctcct480
gagcctccca ccccgctgcc tgggcccctgt ggttgctggg cctcccacct caaggagggg540

```

aagggtgtac agcccgaaacc cgtggagcaa tgccctgtct ggccctcaaaa accaaaaataa600
aactgggtca ctttaaa 617

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

tgtgtgagggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120
30 tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
accttatgga ttcaaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcatc aaagacagaa acaccaatag 300
tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaaggtt atggaagaat 360
gtaagaggct gcaagggtgaa gtccagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420
35 aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag cccatttca gcattagccc 480
caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg ggctcttggc tctggtgggt ttgttcttta 540
tcgttggtgt aattattggg aagattgcct ttagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600
tggattgggt tgatccaccat atcatgggat tttaaatttat cataaccatg tgtaaaaga 660
aattaatgta tgatgacatc tcacagggtct tgcctttaa ttaccctcc ctgcacacac 720
40 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagtt aaaaatgtat 780
agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
tggattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctggtt ggtgctggcc cttggggagc 960
tggagcccag catgctgggg agtgcggtca gctccacaca gtagtcccca cgtggccac1020
45 tcccggccca ggctgctttc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac1080
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcaactgtg cagcatcaga cgtactcgct1140
ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga cccagcgctt tggaaataaa tggcagtgtc1200
ttgttcactt aaagggacca agctaaattt gtattggttc atgtagtga gtcaaactgt1260
tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcatctc atgttttctt1320
50 attgtcacia gagtacagtt aatgctgcgt gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat1380
tgctgctgga gggctgtggg ctccctctgtc tctggagagt ctggtcatgt ggaggtgggg1440
tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaaaataaca1500
actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctaaggttac cttttttaat1560
gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc1620
55 cagcgcccag gtccaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcaggaa1680
caaatggatc gggctgcaga gggttagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740
aagggaagag agaaaactct cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga1800

attaatttta tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860
 gaaaaattat aataagccc caaaattaag aaataaaaa 1899

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1398 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

agaatgtcgg gcggtgctgc gaggcccaag cccgggccgg ggccgcctcc ctcaacgcct 60
 cccttgacgg cctccacaac gcactcttcg ccactcagcg cagcttgagg cagcaccagc 120
 30 ggctcttcca cagcctcttt gggaacttcc aagggtcat ggaagccaac gtcagcctgg 180
 acctggggaa gctgcagacc atgctgagca ggaaagggaa gaagcagcag aaagacctgg 240
 aagctccccg gaagagggac aagaaggaag cggagccttt ggtggacata cgggtcacag 300
 ggctgtgcc aggtgccttg ggcgcggcgc tctgggaggc aggatcccct gtggccttct 360
 atgccagctt ttcagaagg acggctgccc tgcagacagt gaagttcaac accacatata 420
 35 tcaacattgg cagcagctac ttccctgaac atggtactt ccgagcccct gagcgtggtg 480
 tctacctgtt tgcagtgagc gttgaatttg gccagggcc aggcaccggg cagctggtgt 540
 ttggaggcca ccatcgact ccagtctgta ccactgggca ggggagtggg agcacagcaa 600
 cggctcttgc catggctgag ctgcagaagg gtgagcagat atggtttgag ttaaccagg 660
 gatcaataac aaagagaagc ctgtcgggca ctgcatttgg gggcttctct atgtttaaga 720
 40 cctgaacccc agccccaatc tgatcagaca tcatggactc gccagctct cctcggcctg 780
 gggctctggc caaggatggg ctggaggcca ttcagttggt ctgtctcttc cctggaaacc 840
 ttctgcaaag atggtgtggt gtacgtggct tccctgtaac cacatggggc ttggccattt 900
 ctccatgatg agaaggactg gaatgcttct ccgggcagga catggtccta ggaagcctga 960
 accttggtt ggcatgcctt ctccagacag acggcctggg ctccaactct tcaccacacc1020
 45 ctgtattcta caacttcttt ggtgttttgc tctcctgtg gttggaaact tctgtacaac1080
 actttaaaact tttctcttgc ttctcttct cttctccct atcgatgat agaaagacat1140
 tottccccag gaggaatgtt taaaatggag gcaacatttt ggccaacatt ggaaagcact1200
 agagggcaat gggattaaac caacctgctt ggtctctatt agtcagtaat gaagacgacal260
 gcctggccaa ccaagggaaa ggaaattagt atcttttagt tcagtcattc cttgtagggg1320
 50 tatgggtttt agcttgtggc ccccaccgaa aagattcatc ttggattgtt aatgcctatt1380
 attccccaca ttaagggg 1398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

20 tttggcatca tttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
 ggtatttggg attctaattg ttaacccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120
 aaccatttta gccttttact tatatctggg agaattccag tgatcatcct aataaggat 180
 atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
 25 taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
 aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgta agtccctaag 360
 agattacatg ctagggcttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
 cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480
 tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcct cttttcttct taagctccag 540
 30 gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
 aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtgggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
 tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
 agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
 gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
 35 cctccctgcc acccatcaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
 ctgcagtctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
 ttgccttcac agagtctctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttggagta1020
 gaattgatca ggtttaagtc atcctgtcca ggttgggcat agtgggtcat gcctgtaatc1080
 tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagtcc caaaccatcc1140
 40 tgggcaacag agggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaa aaagttaaaa1200
 aaacaattag ctggacctgg tgggtgcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccctta1260
 acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
 aaaagtggaa ccctatcaca 1340

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 50 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

15 atcagcacat caattgcagc attgtggcta ccagggggtc aggatgcggg cgggtggagcc 60
ctctggcctt tgtgtggtag ccgaggactc tgtgtcagcg accgttttcc gggaaacttc120
cgggcgagac tcacatcttg gaaattcaaa tactcaatag ctctcgaatt ctaggaatct180
tgagaagagg cctggattaa ggattcagac gtggggcctc agatggctat ggcattgctg240
gttctaccaa cgtgacaggt gatcaagta agaagctgga cgtcctctcc aacgacctgg300
gtatggaaca ggtta 315

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1162 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

45 cggctcgagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
tggacgtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaaccgtg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtagcggatc 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtc cccaaataca ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagt acttgatca atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
50 agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtggag gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaagggt gctgatgggc agtggaaaga 480
gggatttggt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
ccatcatttc ccgaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttgga 600
ccttgccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
55 cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgtctct gtcctgatg tggatgaccc 720

```

agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
acccttctgt tcaaagcttt tgcattgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900
gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
5 attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt1020
gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac1080
cagttaaaaa aatcacaaaa aaaaaaatt ttaattaagg atttagaagt tcccccaatt1140
acaaactggt tttaaatatt gg 1162

```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1826 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54

```

cggtctgagg cccccgccct gtctgccccg cgccaccggc ccgcgccccg ccatggagga 60
35 cctggatgcc ctgctctctg acctggagac taccacctcg cacatgcca ggctcaggggc 120
tcccaaagag cgccctgcgg agcctctcac ccctccccca tcctatggcc accagccaca 180
gacagggtct gggagtcctt caggagcctc gggggacaag gaccacctgt acagcacggt 240
atgcaagcct cggccccaa agcctgcagc ccgcggggcc cctccattct cctcttccag 300
cgggtgtctt ggtaccgggc tctgtgagct agatcggttg cttcaggaac ttaatgccac 360
40 tcagttcaac atcacagatg aaatcatgtc tcagttccca tctagcaagg tggcttcagg 420
agagcagaag gaggaccagt ctgaagataa gaaaagaccc agcctccctt ccagcccgtc 480
tcctggcctc ccaaaggctt ctgccacctc agccactctg gagctggata gactgatggc 540
ctcactctct gacttccgcg ttcaaaacca tcttccagcc tctgggcca ctcagccacc 600
ggtggtgagc tccacaaatg agggctcccc atccccacca gagccgactg gcaagggcag 660
45 cctagacacc atgctggggc tgcctcagc cgacctcagc cgccgggggtg tccccacca 720
ggccaaaggc ctctgtggct cctgcaataa acctattgct gggcaagtgg tgacggctct 780
gggcccgcgc tggcaccgcc agcacttcgt ttgcggaggg tgttccaccg ccctgggagg 840
cagcagcttc ttcgagaagg atggagcccc cttctgcccc gagtgtact ttgagcgctt 900
ctcgccaaga tgtggttctt gcaaccagcc catccgacac aagatggtga ccgccttggg 960
50 cactcactgg caccagagc atttctgctg cgctcagttg ggggagccct tcggagatga1020
gggtttccac gagcgcgagg gccgccccct ctgcgcgcgg gacttctctg agctgttcgc1080
ccgcgcgtgc cagggtgcc agggcccat cctggataac tacatctcgg cgctcagcgc1140
gctctggcac ccgactgtt tgcctgcag ggaatgcttc gcgcccttct cgggaggcag1200
ctttttcag cagcagggcc gcccgttgtg cgagaaccac ttccacgcac gacgcggctc1260
55 gctgtgcgcc acgtgtggcc tccctgtgac cggccgctgc gtgtcggccc tgggtcgccg1320
cttccaccgc gaccattca catgcacctt ctgcctgcgc ccgctcacca aggggtcctt1380
ccaggagcgc gccggcaagc cctactgcca gccctgcttc ctgaagctct tcggctgaca1440

```



```

gcccgtctcg ctcgccctct cccccggagg ccgcgcctct ccggaaaagc cgggtcctcc1500
agaccccagag gccttgctct cagagcggga ggccccaccc actggagagc cccgccccta1560
aggtactatg agtcctcagg ggtcaagtgc agaaacggcc cagccagacc taaaccacac1620
cgcccacaaa gtgattgca cacagacaag aactcccgtg cgggcctcca ctctattccc1680
5 acccttgagg gagccccctt actgggggag ggtccttgca attccagcga atcgagggcc1740
aggccaggac gtccttgctc cctgcaccct cactgttctg tgcacttttt ctacctacat1800
aaacacacgc attccacctc aaaaaa 1826

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1114 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

gatgaagtag atgactttga ggacttcac ttcagccact tctttggaga caaagcactg 60
aagaagaggt caggaagaa ggacaagcac tcacagagcc caagagctgc ggggccagg 120
35 gaggggcaca gcataggggg ctgacaccct gccccacagg gaatggcctt ggcctggccc 180
agcccaagat cccagcggtta tctaactcct ggagggtgga ctctgtcctg gcttgtttg 240
tgtcctcaga tatctttcac acagtagagc aaaatcacca gccctgcact gatgtcactt 300
tatgtagaaa aaggccttag ctggacctgc gttgccgtct atgcaaatgc atgcaaatac 360
tccaggccct gggatgtggg cttgtgtttt gtcactgtga agggggagat gggagaggag 420
40 cctgttttgg ggtgggtctt ggggaaggca atctgattct gaagctaaag agctttcatc 480
ctcttgagtg tatgtcccca tagtggggcc cttgaccac atgctgaccg gtgccttggg 540
atgtgactag agttgctggc tcgaggccca gcacagggac ttaccctggg gttttgttag 600
gtttggaagc agctgtccct agggggtgaa gtccccccc tttttttttt ttacccttg 660
cttctccac ggcttcacct ccctatgtga actgtagact cagatcccaa taaagtgtg 720
45 ttgcagctat gatgctaggt gggttctaag cacaggggac accccacacc ccctgcctga 780
atggatgggt ccatcccagg cactgggtact tgcccccttg ttctgtatcc ccctttgccc 840
ttgccttgcc cttccaacaa accctaggcc cttgagaagc tgatacttct ccttttgctc 900
acagctgcct tggccccacc cctgggagat gtagcaaatt gagtgtgggt tttggagtct 960
gagcctcagg ctcaaatcca ggccaagtga tcttgggcaa gttaatctct gggaaactttg1020
50 ggtttcttat cctcaaaaaa ggcgatggaa gggctgggga agtgattaaa taaaagcaac1080
gcaagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1114

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: lin ar

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

20
 25
 30
 35
 40
 45
 50

```

ctcgagccgt gcaagtggaa taacacgggc tgccaggccc tgcccagcca agaacgaagg 60
ccccagcaag gccttcgtga actgtgacga gaacagccgg cttgtctccc tgaccctgaa 120
cctgggtgacc agggctgatg agggctggtg ctgggtgtga gtgaagcagg gccacttcta 180
tggagagact gcaagcgtct atgtggcagt tgaagagagg aaggcagcgg ggtcccgcga 240
tgtcagccta gcgaaggcag acgctgctcc tgatgagaag gtgctagact ctggttttcg 300
ggagattgag aacaaagcca ttcaggatcc caggcttttt gcagaggaaa aggcgggtggc 360
agatacaaga gatcaagccg atgggagcag agcatctgtg gattccggca gctctgagga 420
acaaggtgga agctccagag cgctggtctc caccctggtg cccctgggcc tgggtgctggc 480
agtgggagcc gtggctgtgg ggggtggccag agcccggcac aggaagaacg tgcaccgagt 540
ttcaatcaga agctacagga cagacattag catgtcagac ttcgagaact ccagggaatt 600
tggagccaat gacaacatgg gacctcttc gatcactcag gagacatccc tcggaggaaa 660
agaagagttt gttgccacca ctgagagcac cacagagacc aaagaaccca agaaggcaaa 720
aaggatcatc aaggagggaag ccgagatggc ctacaaagac ttctgtctcc agtcacgac 780
cgtggccgcc gaggcccgagg acggccccc ggaagcctag acggtgtcgc cgcctgtctcc 840
ctgcacccat gacaatcacc ttcagaatca tgtcgatcct ggggccctca gctcctgggg 900
accccaactc ctgctctaac acctgcctag gtttttccta ctgtcctcag aggcgtgctg 960
gtcccctcct cagtgcacac aaagcctggc ctaattgttc ctattgggga tgagggtggc1020
atgaggaggt ccacttgca acttctttct gttgagagaa cctcaggtac ggagaagaat1080
agaggctctc atgggtccct tgaagggaaga gggaccaggg tgggagagct gattgcagaa1140
aggagagacg tgcagcggcc ctctgcaccc ttatcatggg atgtcaacag aatttttccc1200
tccactccat ccctccctcc cgtccttccc ctcttcttct ttcttccat caaaagatgt1260
atgtgaattc atactagaat tcaggtgctt tgctagatgc tgtgacaggt atgccaccaal320
cactgctcac agcctttctg aggacaccag tgaagaagc cacagctctt cttggcgat1380
ttatactcac tgagtcttaa cttttcacca ggggtgctca cctctgcccc tattgggaga1440
55 ggtcataaaa tgtctcgagt cctaaggcct taggggtcat gtatgatgag catacacaca1500
ggtaattata aacccacatt cttaccattt cacacataag aaaattgagg tttggaagag1560
tgaagcgttt ttctttttct ttttttttt tgagacggag gtcttctactg tcgcccaggc1620
tggagtgcag tggcgcaatc tcgg
  
```

1644

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2184 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

20 tgcagtggc agagtgcct ggtataagg agagggcatc acctgcccc ctgtgctgac 60
tcctgccctt gtgcgaggg agtccatccc gatccggctc ttcctggccg ggtatgagct 120
caccgccacc atgcgggaca tcaacaagaa gttctctgtg cgctattacc tcaacctggt 180
gctgatatagc gaggaggagc ggcgctactt caagcagcag gaagtgggtg tgtggcgaa 240
gggtgacatc gtacggaaga gcatgtccca ccaggcggcc atgcctcac agcgcttga 300
gggcaccacc tccctgggtg aggtgcggac cccagccag ctgtctgaca acaactgcag 360
gcagttaggcc ccaggggccg agaagatgct gggcaccac ccagcaccac catctaccaa 420
25 caccagcggc tggggcggg ggcggacctt gtgaggctca gttgaccctg tacttgcaac 480
ctgaaaacaa atcatgtttt tgacttaaat tcttttctct ggagaacca aggggcttg 540
ggtgggaagc agtctctcct tgggattctg cggccgatgt gggatagaag aggtagcatc 600
ctggaagcca gcctctctgg ggaacatgag ccccttcct cggggggctg ccttgctct 660
tagaggagg agagcagaga gcacgcaccc ttggctcctg gctctctgag cttcctgata 720
30 caggatctga gcatgtccct gggattctga gctgccaaca gggccctgg tagtcacatc 780
ttgtactccc ctttgctgtc ccggaggtag tggcaggagt tgggccagcc cccactaagt 840
ggcaggggaa gactcacgat tgggaagcta cctctttggg aatcttggat gtggtgatct 900
caagttccca caggccacct ccttctggcc actcactgct gggaccagc caccctcctt 960
ctccatcctc tctggattgt cagtaattgc ctggaacaga agcctgtagg atggccttg 1020
35 gtcaggagaa gccctgggt cagtgtcgtg caccgatggc ggcagtgtt aaccaggag 1080
gctgaacccg gccaccacg gaagatgagt gcatggcaac cgctgcctt cactgcgtc 1140
cacttggtaa cccaaggtc tgggctgttc taggtattgc ttcacgtgcc ccagcaagcc 1200
cttaacaaga gggcctggtt ccctgaagaa ccaatcccag gaaggggctt tgatccctc 1260
gccttgctga gagtgaaccc tctgtctctc taccctcca tttcatttct gggaattgg 1320
40 gcttagtttc gaacctttg caaggctgtt cttactaatg cccaagcccc ttaccctc 1380
tccctatagg ttacacagg gagaccagg cctcggcaga agactgctgc cacacttcc 1440
aatcattctg cttgccaat aggtcatctt caccagtga ctgacccaag tttaggacca 1500
ttggatctgt gtgtttaaaa aacacatata aaaaaactct tgtgaatatt cttgttatg 1560
tagagaggaa ggtacttctc cctctacggc tctgcgctgg ggcctatggt agtaaagtt 1620
45 tttactgtcc tttttctgct tccctggaa atgacaggca ttactctccc attggcctc 1680
cttcccttta tagaaagacc aagcaggccc cactggccaa gaggtacggt atttggcag 1740
ctgagttctc agtaatttgg aaagttaagg agttggttcc tgtgtcacct ttcagttag 1800
gtgggaaagg aagacttctg ttttcctgag atcagtgcag tctcaggcct ttggcaggc 1860
tcatggatca gactgagac tggagggaga ggcatttcgg gtagcctagg agggcgagt 1920
50 ggcgcagcag aaccgaggaa ggcaagggtt tttcccccac gctgtgtcct gtgttcagg 1980
gcgacacaca atcctcatgg gaacaggatc acccatgcgc tgcccttgat gatcaaggt 2040
gggcttaag tggataagg aggaagttc tgggttcctt gccttttcag agcatgagg 2100
caggctctgt atccctcctt ttcctagctg atattctaac tagaagcatt tgtcaagtt 2160
cctgtgtggc ccttcccccc agag 2184

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1510 Basenpaare
 (B) TYP: Nukl insäure
 (C) STRANG: inz I
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

20

```

agcctgggaa acacagtagg gctccacctc tacaaaaaac acaaaaatta gccaggcatg 60
tggcgtcata gtagaattaa tcaaaagcaa gaaaatggct ggaggagctg tcttggtggc 120
aggacctcct ggaactggca agacagctct ggctctggct attgctcagg agctgggtag 180
25 taaggtcccc ttctgcccaa tgggtggggag tgaagttagt tcaactgaga tcaagaagac 240
agaggtgctg atggaagaact tccgcagggc cattgggctg cgaataaagg agaccaagga 300
agtttatgaa ggtgaagtca cagagctaac tccgtgtgag acagagaatc ccatgggagg 360
atatggcaaa accattagcc atgtgatcat aggactcaaa acagccaaag gaaccaaaaca 420
gttgaaactg gacccagca ttttgaaag tttgcagaaa gagcgagtag aagctggaga 480
30 tgtgatttac attgaagcca acagtggggc cgtgaagagg cagggcagggt gtgataccta 540
tgccacagaa ttcgaccttg aagctgaaga gtatgtcccc ttgccaaaag gggatgtgca 600
caaaaagaaa gaaatcatcc aagatgtgac cttgcatgac ttggatgtgg ctaatgcgcg 660
gccccagggg gaaatgaaga tccgtgccat cttggggccag ctaatgaagc caaagaagac 720
agaaatcaca gacaaacttc gaggggagat taataagggt gtgaacaagt acatcgacca 780
35 gggcattgct gagctgggtc cgggtgtgct gtttgttgat gaggtccaca tgctggacat 840
tgagtgtctc acctacctgc accgcgcctt ggagtcttct atcgctccca tcgtcatctt 900
tgatccaac cgaggcaact gtgtcatcag aggactgag gacatcacat cccctcacgg 960
catccctctt gaccttcttg accgagtgat gataatccgg accatgctgt atactccaca 1020
ggaaatgaaa cagatcatta aaatccgtgc ccagacggaa ggaatcaaca tcagtgagga 1080
40 ggcactgaac cacctggggg agattggcac caagaccaca ctgaggtact cagtgcagct 1140
gctgaccccg gccaaacttg ttgctaaaaa caacgggaag gacagcattg agaaagagca 1200
tgtcgaagag atcagtgaac ttttctatga tgccaagtcc tccgccaaaa tcctgggctt 1260
gaccaggcag ggataagtta cattgaagtt gagatggctt gaggggtttt cagcagctaa 1320
gagacttccc caggtgtgcc tggcctgggg tccagcctgt gggcgctttg ccctggggtt 1380
45 tgggggctgc ctttcccatc tcaggcgttg ggttcagcgt ttgttcaatt tcagttgttg 1440
gaaagcgttt tttttttgaa gttagtctta agtgtttccc cttgggtttg ttttgaagaa 1500
aacccttcct
1510

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1188 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

gagaactcac accatatgtg tcctgttcca gtgcgcgggt ctgtggagag ccgggtgcga 60
gcggcggcag caccgagggga aaagagctga gcggagacca aagtcagccg ggagacagtg 120
ggtctgtgag agaccgaata gaggggctgg ggccacgagc gccattgaca agcaatgggg 180
aagaaacaga aaaacaagag cgaagacagc accaaggatg acattgatct tgatgccttg 240
gctgcagaaa tagaaggagc tgggtgctgcc aaagaacagg agcctcaaaa gtcaaaaggg 300
aaaaagaaaa aagagaaaaa aaagcaggac tttgatgaag atgatatcct gaaagaactg 360
gaagaattgt ctttgggaagc tcaaggcatc aaagctgaca gagaaaactgt tgcagtgaag 420
ccaacagaaa acaatgaaga ggaattcacc tcaaaaagata aaaaaagaa aggacagaag 480
ggcaaaaaac agagttttga tgataatgat agcgaagaat tggagataa agattcaaaa 540
tcaaaaaaga ctgcaaaacc gaaagtggaa atgtactctg ggagttaaac aaacttccta 600
aaaaagctaa agggaaaagc caaaaatcaa ataagaagtg ggatgggtca gaggaggatg 660
aggataacag taaaaaaatt aaagagcggt caagaataaa ttcttctggt gaaagtgggtg 720
atgaatcaga tgaatttttg caatctagaa aaggacagaa aaaaaatcag aaaaacaagc 780
caggtcctaa catagaaagt gggaatgaag atgatgacgc ctccctcaaa attaagacag 840
tgGCCcaaaa gaaggcagaa aagaaggagc gcgagagaaa aaagcgagat gaagaaaaag 900
cgaaactgcg gaagctgaaa gaaaaagaag agttagaaac aggtaaaaag gatcagagta 960
aacaaaagga atctcaaagg aaatttgaag aagaaactgt aaaatccaaa gtgactgttg1020
atactggagt aattcctgcc tctgaagaga aagcagagac tcccacagct gcagaagatg1080
acaatgaagg agacaaaaag aacgaaagat aagaagaaaa agaaaggagg acaagggagg1140
aaaagagaac agagaaggaa agaagggcct ggcaaaagcc actgtttc 1188

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2208 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gcaggacggc tctgggccct tcttggtga cttcaacggc ttctcccacc tggagctgag 60
aggcctgcac acctttgcac gggacctggg ggagaagatg gcgctggagg tctgtttcct 120
ggcacgaggg cccagcgggc tctgtctcta caacgggcag aagacggacg gcaaggggga 180
10 cttcgtgtcg ctggcactgc gggaccgccc cctggagtgc cgctacgacc tgggcaaggg 240
ggcagcggtc atcaggagca gggagccagt caccctggga gcctggacca gggctctact 300
ggagcgaaac ggccgcaagg gtgccctgcg tgtgggcgac ggccccctg tgttggggga 360
gtccccggtt ccgcacaccg tctcaacct gaaggagccg ctctacgtag gggcgctcc 420
cgacttcagc aagctggccc gtgctgctgc cgtgtcctct ggcttcgacg gtgccatcca 480
15 gctggtctcc ctcgagggcc gccagctgct gaccccgag cacgtgctgc ggcagggtga 540
cgtcacgtcc tttgcaggtc acccctgcac ccgggectca ggccaccct gcctcaatgg 600
ggcctcctgc gtcccagggg aggctgccta tgtgtgctg tgtcccgggg gattctcagg 660
accgactgc gagaaagggc tggtaggaga gtcagcgggg gacgtggata ccttggcctt 720
tgacggggcg acctttgtcg agtacctcaa cgtgtgacc gagagcgaga aggcactgca 780
20 gagcaaccac tttgaactga gcctgcgcac tgaggccacg caggggctgg tgcctggag 840
tggcaaggcc acggagcggg cagactatgt ggcactggcc attgtggacg ggcacctgca 900
actgagctac aacctgggct ccagcccggt ggtgctgctg tccaccgtgc ccgtcaacac 960
caaccgctgg ttgcgggtcg tggcacatag ggagcagagg gaaggttccc tgcagggtggg 1020
caatgaggcc cctgtgaccg gctcctcccc gctgggccc acgcagctgg acactgatgg 1080
25 agccctgtgg cttggggggc tgccggagct gccctgggc ccagcactgc ccaaggccta 1140
cggcacaggg tttgtgggt ccttgcgga gctgtggtg ggccggcacc cgtgcacct 1200
gctggaggac gccgtacca agccagagt gcggccctgc cccaccccat gagctggcac 1260
cagagccccg cggccgctgt aattattttc tatttttgta aacttgtcgc tttttgat 1320
gattttcttg cctgagtgtt ggccggaggg actgctggcc cggcctccct tccgtccagg 1380
30 cagccgtgct gcagacagac ctagtctga gggatggaca ggcgaggtgg cagcgtggag 1440
ggctcggcgt ggatggcagc ctacggacac acacccctgc ctcaagggtg tgagcccccg 1500
ccttgactgc cgcctgcccc acggtgtccc cggcgggaag cagccccggc tctgaatca 1560
ccctcgctcc gtcaggcggg actcgtgtcc cagagaggaa ggggctgctg aggtctgat 1620
gggcccctcc tccgggtgac cccacagggc ctttccaagc ccctatttga gctgctcct 1680
35 cctgtgtgtg ctctggaacc tgccctggcc tctgcgcca atactgtgac ttccaaaca 1740
tgttactgct gggcacagct ctgctgtgct cccgtgctgc ctgcccagc ccaggctgct 1800
gaggagcaga ggccagacca gggccgatct ggggtgcctg accctcagct ggccctgccc 1860
agccaccctg gacatgaccg tatccctctg ccacacccca ggccctgcga ggggctatc 1920
agaggagctc actgtgggat ggggttgacc tctgccgcct gcctgggtat ctgggcctg 1980
40 ccatggctgt gttcttcatg tgttgatttt atttgacccc tggagtgtg ggtctcatc 2040
ttcccatctc gcctgagagc ggctgagggc tgccctactg caaaatcctc cccacaaaag 2100
cggtcagtga aaagtgcgtc ctttgcctta aaaaatgacc aaggggccaa gcaagtttt 2160
tgaacaaagg gtgaaggggg aagttcgaaa aggttgaag ggaatttt 2208

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

10

```
gaaaagggg agggggagtg acaatctttg cttggggcct atgacttctc cagccccaag 60
gggagatgcc accgggaaat cccccaatgt ccactagggg gcaggaggcc accgttcttc120
gtactccgga gaacctggct ggagagctct ttcttggtca cccttcctc cagctgtatc180
tctgccctgc agataacgtg aaggactgga gcaaggctgt cctggcctat gagcctgtgt240
15 gggccattgg tactggcaag actgcaacac cccaacaggg aac 283
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 184 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

40

```
aacggaggat gcctaggctt ctggaggcga agaaggacgc ggcaagctgc gaaaagtcac 60
gggtatctgc aagcatgaaa tgatccgtga atatccgaat ggggcaacc gtgcagggtga120
agcctgcaca cctgaataaa tcaggggcag acgcagggaa ctgaaacatc ttagtacctg180
45 cagg 184
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
caccaagccc cgcccgacct tcttctatct tccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
gcgctcctgt gtacagggtgc ataaacacat cagtgtgcca tccctcacat gcatgtcgtt 180
20 cccccccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tctctggga ccctctgcag 240
atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggtcga ttctgctctg tcttccccac 300
tgctcagtt tccccaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatggg 360
gcaaggatcc cctttaggat tcaatctttc ctctttgggc agttttggct ttgagtcccc 420
cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgaagcg aatgacagca gctgggtggg 480
25 tgggtgtggg agaggctgag ggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttcctggagg 540
tgtggggagg gggcggtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
aatgcgaaag aggaagtctg gaaggagcga ggaatggggt ggggtggcagc gggggccgct 660
cagttgctgt cgtcttctgc caccagcacg gcgtccgact cctcggtgat ctccagcagc 720
gcgtgcacgt cggggtgct cccgcgcgc aggtcgccg cctcccccg ctccgccac 780
30 ctccaccatc tcggtggcct tgagcacttc cacctggccc tcgcggtatc tcttgacgtg 840
gaaggtgaag ggtggcacct ttagacccgc ggtcttgag cgcgcgta caacgtggtc 900
ggcggtgaag gatttgcgca acttgctccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
gggcaccagg cgcgtgcccc gcttggtcat gcgttctcc aggggtgtgc gcgtcttctc 1020
cagggttttc ttggtcttga ggcgcgtctt ctccagggtc tcgcggttac gcaccttgg 1080
35 cttctccatc ttctccttg agaaggcctt cttgaagtcg tccacgcgcc gcaggccctg 1140
cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataactcct caacctccac cgcctcgtc 1200
gacgaaagct ccagcgccgc tgcgtcctcc tcgggcccgt cgccctcgcc cagctcctcg 1260
ccctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttggcc 1320
ggcagcttca cttcatcctg gtagatcatg actttaagt tgcggcgccg cagcagctcg 1380
40 gctcgttga cttcagcct cttgatctgc cccgcctggc gctccaggct gccgcgcacg 1440
gtcttcacgt tgacgtgac cttgcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc 1500
gtggtggcgt gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgccc 1560
tccatctccg cctgccgctc ctccagctgt gcttgagtca gctggatctg gtctacggcc 1620
ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcagccgt tcacctggtc cgacttgatc 1680
45 agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgtgcct gagccccagc ggaggaagct 1740
ccggggcctc ggcgatcggg gtaccggggc aagcggccgc 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```
15  ctcgagcggc tcgagccgat tcggctcgag cggctcgaga agaagatatg ctagtctgta 60
    tttttgctgt gctattgagg atcaggacaa tgaactaatt accctggaaa taattcatcg 120
    ttatgtggaa ttacttgaca agtatttcgg cagtgtctgt gaactagata tcatctttaa 180
    ttttgagaag gcttatttta ttttgatga gtttcttttg ggaggggaag ttcaggaaac 240
    atccaagaaa aatgtcctta aagcaattga gcaggctgat ctactgcagg aggaagctga 300
20  aacccacagt agtggttctt gaagaaattg gactgacata actctcctcc cttggtgatg 360
    acttcttggt gcatttcaca cactgtagat ggtcactccc ttcattgtcca tgtagctca 420
    tgggtgaaga tgatgtcttg tcagtattac tgttttgcta agccgcttca ttcattgccta 480
    cacaattttt ttttaaaagg gaactttagt taattaagt ataagggact taaatatga 540
    ttagaatggt gcagaaagag ataccttttc tggatatatt aaagttaaaa ggtagtttc 600
25  tcttaatctg attatgtgca catatgaaaa tggcacatca tatacatgta aaatcaggca 660
    gtatacattt attaatctat gtatttgaca aaggaaactc ttaaattata atgtgaaacc 720
    tggttttatg aaaccaaga ctagtgcagc atttcagcat atgtaaaaag aaaaaaaaaa 780
    gggaattgac atgtcacata tcaaatgaat ggaaactttg ttgaaacttt aaaaagcaaa 840
    tttactccaa agacttgtat tggaaattac atacctttt tttttttttt aaaggactac 900
30  agattatttt taatgactaa attggagtga tacttcttac actaaaaatt atttcttagg 960
    cattctgaat ctgggatgag aaacaggatt gtttcacaat agtaagcaca taatttttaa 1020
    ggccaaggca catttgactc ctgagatgaa ttttttggtg tcataatcaa atacttagtt 1080
    gtttttgatg ccccaaaaata aagtgagaat ggtaatttgc caggaattct tcataacagt 1140
    atcttataaa aaacgtgttg ctctcttcac agtattatgt gtaaagtcac tgtttaaagc 1200
35  acgaatgttc cctctggggt acttggttaa gctaaattta ttttgcttcc ctccacttag 1260
    aagtgtgca cactttacag cagcttcctt tctttccatg gcactgccta gttaacagaa 1320
    gtcttataaa aatttaaaaa gacacatttc ttacaaaaaa gagttgaatg aggtaaaaat 1380
    gcattagatg gctctatatt ttttaaagct atgtaattgt tcagcgtcac ttttctaagt 1440
    acttatacat atctaaacat gtcttcatgg tttatatttt cacttatata tgctgggctg 1500
40  gattaagctt tgttgtgatt gtgaccaaca ttcaggccac gtgagcactg tcttatcaca 1560
    tcgccaaata gttgtaataa acgttcaacg tacaaaaaaa aaaaagggag cagcttcctt 1620
    ggggggaatt actggaagcg gggtaagcg ga 1652
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1085 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

gctccctggc ctcctctca gacagcttgg ggggtgtctgt catggccacc gaccaggact 60
cctactccac cagcagcacg gaggaggagc tggagcagtt cagcagcccc agcgtgaaga 120
agaagccctc catgatcctg ggcaaggctc ggcaaccggt gagctttgcc agtttcagca 180
15 gcatgttcca cgctttctc tccaacaacc gcaagctgta caagaagggt gtggagctgg 240
cgcaggacaa gggctcgtac tttggcagcc tgggtgcagga ctacaagggt tacagcctgg 300
agatgatggc gcgccagacc tccagcacgg agatgctgca ggagattcgc accatgatga 360
cccagctcaa gagctacctg ctgcagagca ccgagctcaa ggccctgggt gacccccgcc 420
tgcactccga ggaggagctc gaagcaattg tagagtctgc cttgtacaaa tgtgtcctga 480
20 agcccctgaa ggaagccatc aactcatgcc tgcacagat ccacagcaag gatggttcgc 540
tgcagcagct caaggagaac cagttagtga tcctggccac caccaccact gacctagggt 600
tgaccaccag cgtgccggag gtgcccatga tggagaagat cctgcagaag ttaccagca 660
tgcacaaggc ctactcacct gagaagaaga tctccatcct gctcaagacc tgcaactca 720
tctacgactc catggccctc ggcaaccacg ggaagcccta tggggcggat gacttcctgc 780
25 ctgtgtctcat gtatgtgctg gccgcagca acctcacgga gatgcttctc aatgtggagt 840
acatgatgga gctcatggac cccgccctgc agctggggga gggttcctac tatctgacca 900
ccacctacgg ggcctggag cacatcaaga gctacgacaa gatcacggtg acccggcagc 960
tgagtgtgga ggtgcaggac tccatccacc gctgggagcg ccggcgctact ctcaacaagg1020
cccgggcctc ccgctcctcc gtacagccac ttcattctgcg tgctgtacct ggagcccag1080
30 cagca 1085

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

55

```

5  gggcagggga gggagttgac gggctgacac aggaaactcc cctgaaacct gtttctcagc 60
   ttcccggccc agctggggca cccactggaa ggagaggcca ggcggaagac cctgggtccg 120
   tcatggcctc tgccctgagg ccaccccggtg tccccaaagcc taaggggtgtc ctgccttcac 180
   actactatga gagctttcta gagaagaagg ggccctgtga ccgggattac aagaagttct 240
10 gggcaggcct gcagggtctc accatttatt tctacaatag caatcgggac ttccagcacg 300
   tggagaagct caacttgga gcatlttgaga aactcacaga tgagattccc tggggaagct 360
   cacgtgaccc tggcaccac ttcagcctga ttctccggaa tcaggagatc aagttcaagg 420
   tagagacctt ggagtgtcgg gaaatgtgga aaggcttcac cttaacggtg gtggagctcc 480
   gtgtcccgac cgacttgacc ctgcttcctg ggcacctata catgatgtct gaagtccttg 540
15 ccaaagagga ggcgcgccgt gcaactggaga caccctcgtg cttcctgaag gtgagccggc 600
   tggaggcaca actgtcctcg gagcgtacc ccgagtgcgg gaacctgctg ctgcggccca 660
   gcggggacgg gcccgacggt gtcgggtcacc acgcggcaga tgcacaacgg gacgcacgtg 720
   gtccggcatt acaaggtaga gcgggagggg cccaagtac gtgatcgatg tggaaacagc 780
   gttctcttgc acctccctgg acgccgtggt caactatttc gtgtcgata ccaaaaaggc 840
20 gctggtgcca ttctgttag acgaggacta cgagaagggt ctaggctacg tggagccga 900
   taaggagaat ggcgagaatg tgtgggtggc gccctccgct ccgggcccag gtcctgcacc 960
   ctgcacaggt ggcaccaagc cgctgtcacc tgcgtctagc caggacaagc tgccccact1020
   gccccacta ccgaaccagg aagagaacta cgtgaccctc attggagatg gcccagctgt1080
   tgactatgag aaccaagatg tggcttcctc tagttggcca gtcacctga agccaaaga1140
25 gttgccaag cctcctgcca agcttccaaa gccaccggtt ggaccaagc cagagccca1200
   agtctttaat ggtggcttgg gcagggaagc tgccagttca gtttcagccc agcctcttct1260
   ttccccacag gccgggctgg gcagacatgg acggcagagt tacagaagaa gctgggagaa1320
   gaggcggggc actggtagca tggtttcgga cacaccaggg accagcgggt tagttccagg1380
   gcgggccagg tgg 1393

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1248 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

50 ggcacgagga agttaagatc atacatgcgg atgtgctggt aacctgcaag aagcaatcat 60
   gctgcggctc ggtgtgacct cccaaggcat tcacctggg agtccctggt gctgcacccc 120
   aaccagga gaactcatcg tgggtgacca gagcggggct atccacatct gggacttgaa 180
   aacagaccac aacgagcagc tgatccctga gcccgaggct tccatcacgt ccgcccacat 240
   cgatcccgac gccagctaca tggcagctgt caatagcacc ggaaactgct atgtctggaa 300
55 tctgacgggg ggcattggtg acgaggtgac ccagctcatc cccaagacta agatccctgc 360
   ccacacgcgc tacgccctgc agtgtcgctt cagccccgac tccacgctcc tcgccacctg 420
   ctcggctgat cagacgtgca agatctggag gacgtccaac ttctccctga tgacggagct 480

```

```

gagcatcaag agcggcaacc ccggggagtc ctcccgcggc tggatgtggg gctgcgcctt 540
ctcgggggac tcccagtaca tcgtcactgc ttcttcggac aacctggccc ggctctggtg 600
tgtggagact ggagagatca agagagagta tggcgggccac cagaaggctg ttgtctgcct 660
ggccttcaat gacagtgtgc tgggctagcc tgtgaccctt cgggactgcc tgggtgcagg 720
5 ggtggcagct ggagggaccc atgcagcacc caggtcagag cagaccctcc cctgccggcc 780
tgcgccactg gacctgatgg cccctgtgg cgcttgacc tgcggggcca ggctgccctg 840
ggactctcag cccccagtgt ottatccaga tgtgacagag ctcgacccaa gccaggctgc 900
aactcctgg actgggctag cctgcactgc ctgggaaagt cggccgaggg cccaaagctg 960
ctgaggggtc tgaggctggt gccaccccc aagctagtgt gttctctgcc cctccctgcc 1020
10 cgcgtttcag ggcctcggtc catagagaac accaccacca tggccagggtg gaagggttta 1080
ttagtccctg ccagcagctg tcctccctgg tgcagggtggc ctggccagcc cactggattg 1140
gggacgggcc aggtcgggcc aggtcggggg ctcagtctgg gagtaataa aagcagaccg 1200
acacgcagat gttgctcggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1248

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1099 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```

ctcgtgcaat ttcgggcagg gagtgtcaag cctgttgtct taacattttg tataaaaaag 60
40 aacaacagaa attatctgtc atttgagaag tggcttgaca atcatttgag ctttgaaagc 120
agtcactgtg gtgtaatatg aatgctgtcc tagtggtcat agtaccagg gcacgtgtct 180
ccccttggtg taactgattt cctttttagt cctctactgc taaataagtt aattttgcat 240
tttgagaaa gaaacattga ttgctaaatc tttttgctgc tgtgttttg tgttttcag 300
tttacttgtt ttatattgat ctgttttaag tatgagaggc ttatagtgc ctcattgta 360
45 aatccatagt catcttttta agcttattgt gtttaagaaa gtagctatgt gttaaacaga 420
ggtgatggca gcccttcctc agcacactgg tggagagac cccttaagaa cctgacccca 480
gtgaatgaag ctgatgcaca gggagcacca aaggaccttc gtttaagtgt aattgtcctg 540
gcctctcagc catgaccgtt atgaggaaat atccccatt cgaacttaac agatgcctcc 600
tctccaaaga gaattaaaat cgtagcttgt acagatcaag agaataact gggcagaatg 660
50 aagtatgttt gtttattttt ctttaaaaat aaaggatttt ggaactctgg agagtaagaa 720
tatagtatag agtttgctc aacacatgtg agggccaaat aacctgctag ctaggcagta 780
ataaactctg ttacagaaga gaaaaagggc cgggcacagt ggcttattcc tgtaatccca 840
aactgtgga aggcgagggc aggaggatca cttgagtcca ggagtttgaa acctacctag 900
gcaacatggt gaaacctgtt ctctaccaa ataaaaatta gctgggcatg gtggcacgtg 960
55 cctgtgggtc cagctacttg ggaggctgag gtgggagcct gggagggtcaa ggctgcagtg 1020
agccatgatc atgccactgc actccatcct gggtgacagc aagatcttgt ctcaaaaaaa 1080
aaaaaaaaa aagtcgacc 1099

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 774 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

25

tttatggagc ctgtactatg taccagatgc agactgtgct agcggttggg gatacagtga 60
tgacttggtc tgccctctagg tggcagggag ccattttggg ttttcgaaca gaaaagtgc120
ataatgaatg ctgagttctt aggaagatta atccaggagt agtctccagg atgtactgga180
aggagagaag ctgaaaccag ggaggtctgt gtgtttgcag ttggctgccc agtgctacct240
30 ctgcagagac aatcaatgtc ctgaaggtag ctggtatgtc tgtgtgcact gacacgagcc300
ttcctaccaa gccccagggg ctccatgctg gagaatgcac gtagggtctag ggtgagcact360
aacttcactt caggagagca aggaacagtg tggctcttcc atttttcagt tctgtaagca420
catcaccctt ttctctctcc cttgagctgt gttctctgac agctgtttgt tggtaaagcc480
agcagccctt aaagcacgtc ccagccttgt ctctctgtg ctttccccca ccactgctgc540
35 tgcacgcctc atttgtctgg ccactttagt ggtggaacca ttagaggctg agtgacttaa600
aggagattga gtctgtctcg accccgagag agagtgggat ggatggatgc atcgtctcat660
ttagaaagtg ttgcctctga ctctaacaca ctctctctc tttctttacc gccctccctg720
tgtgcgtccc tggggggggc tgggctaacc cccttccgtc cccctttctc cttc 774

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 426 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

10 tagctccagt ctcagctgta tcattttcta actgattttt acaataaaaa tgagagttaa 60
   aatcagttac tctttctaga cattaattag cacattttacg ttaagactct aagtagtata120
   aaatgtaaat tgctgctacc ctactaagtt actgtcagta aatactgtgt gcagtaaatg180
   ttgagtatgg attaattgaa ggatacctct acaattatct ccttttagtca aggttgtagc240
   taagaattgg gcttctgaca tacattcttt ttaattcttt tcgtattggg ttttatagca300
15 ctaaacctaa tttctaacat atttttacac ctgaaatcta cattctaata taaagggttt360
   tttttataac gttcctaaaa tttcaggccc tcagcaggca gtttttgtcc cagttttctt420
   caacag                                     426
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1417 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

gccaaccttc cctcccccaa ccctggggcc gccccagggt tcctgcgcac tgccgtgttc 60
tcctgggtgt cactggcagc cctgtccttc cttagaggac tggaacctaa ttctcctgag 120
45 gctgagggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
   ctaacagtac ccttagcttg ctttctctct ccctcctttt tattttcaag ttcttttta 240
   tttctccttg cgtaacaacc ttcttccctt ctgcaccact gcccgtaacc ttaccgcccc 300
   cgccacctcc ttgctacccc actcttgaaa ccacagctgt tggcagggtc ccagctcat 360
   gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
50 agtcagagag ccggcactct cagttgccct ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
   cgtggcttgt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
   ggtgagccgg ctgcagggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
   gagtctcccc gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtgggg agagatcccg 660
   gaaaaggaga gcagtgtctc cccaaaaaca gaagaatgac tccgatgtga cagggtgat 720
55 gtggcaacca gctcttaggc gtgggagagg cctacaggcc caaggatat gtgtccgaat 780
   ccaggatgct ggagtttatc tgctgtatag ccaggtcctg tttcaagacg tgactttcac 840
  
```

```

catgggtcag gtgggtgtctc gagaaggcca aggaaggcag gagactctat tccgatgtat 900
aagaagtatg ccctcccacc cggaccgggc ctacaacagc tgctatagcg caggtgtctt 960
ccatttacac caaggggata ttctgagtgt cataattccc cgggcaaggg cgaaacttaa1020
cctctctcca catggaacct .tcctgggggt tgtgaaactg tgattgtgtt ataaaaagt1080
5 gctcccagct tggaagacca ggggtgggtac atactggaga cagccaagag ctgagtatat1140
aaaggagagg gaatgtgcag gaacagaggc gtcttctctg gtttggctcc ccgttcctca1200
cttttccctt ttcattccca ccccttagac tttgatttta cggatatctt gcttctgttc1260
cccatggagc tccgaattct tgcgtgtgtg tagatgaggg gcgggggacg ggcgccaggc1320
attgttcaga cctggtcggg gccactgga agcatccaga acagcaccac catctaacgg1380
10 ccgctcgagg gaagcaccgc gcggtttggg cgaagtc 1417

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 691 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72
- ```

35 ctgccttccg gtgcgtcgtt tacgccagtt tgaaccaaag acgcccgaagg ttgaggccga 60
gttccagagc atgggggtctc ggttgtccca gccttttgag tcctatatca ctgcgcctcc120
cggtagccgc gccgcgccgc ccaaacctgc gcccccagct acaccggag cgccgacctc180
cccagcagaa caccgcctgt tgaagacctg ctggagctgt cgcgtgcttt ctgggttggg240
gctgatgggg gcgggcgggt acgtgtactg ggtggcacgg aagcccatga agatgggata300
40 cccccgagc ccatggacca ttacgcagat ggtcatcggc ctcagcattg ccacctgggg360
tatcgttgtc atggcagacc ccaaagggaa ggccctaccgc gttgtttgaa agtaccacca420
gtgaatctgt cttctgtctc tgtccctttc cccgtgacac acagagcagg catggaattt480
aatgggtggt ctggacagac acttgtagat ggacagacat cactactgtg gatactacaa540
gactgaaaag aaaatcgtat gttgtcattc tctggctatg gagtgtttgt ggccttcaca600
45 gatttcacag gaaccaataa atccctcaga gaagtataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
691

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1705 Basenpaare  
(B) TYP: Nukl insäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

gattcggcat gaggacagag ccctttttga aaataaattg gcattggagt gttttaccct 60
ctagctggtt tacttagaat gtaacatatg ctgcctaccc acctcaaaat gtctgtactg 120
caagagggcc ctgggcctct gctttccata ttcacgtttg gccagagttg tagtcccaaa 180
20 gaagagcatg ggtggcagat ggtagggaat tgaactggcc tgtgcaatgg gcatggagca 240
caaggggtca cagcatgcct cctgccttac cgtggcagta cggagacagt ccagaacatg 300
gtcttcttgc cacggggtgt tgttgtctct ggtggtgctg catgtctgtg gctcaccttt 360
attcttgaaa ctgaggttta cctggatctg gctactgagg ctagagccca cagcagaatg 420
gggttgggccc tgtggccccc caaactaggg ggtgtgggtt catcacagtg ttgccttttg 480
25 tctcctaaag atagggatct acttttgaag ggaattgttc ctcccaataa aatttgcttt 540
accttgggcc tttcttttgt gccagtattc aagtgggata gctctgagca ggtgcacatt 600
tggccaaacc tgacactgtc ttgctgcatt ctctttggc aaacatcagg gtcagaattc 660
aggatagccc ttcctagggc actggacttt ctggcatggg ggctgtgttt gcacaagtta 720
ttttcatgtt acctggagag tgtccagagg ctgctctgag gctgaggtgt gttccccctt 780
30 gcctgggtcc agctgtcaga gggataccat cctagggtct gggaatccaa ggccacgaga 840
ctccttggtt tgtggtcgca gatcctgtac taaggagggt ctggccagag gaacagacca 900
gcttttgcac aatgaagcgc aagggaacaa gtggttgcc tgggtgccta cctgtcctga 960
acctggtcct gtgggcccatt gaaaagttag atctgtgata tctggggttt ttgtggcttt1020
gttcaatgct tccaactctag ggcaggcaga gcagtctata ctctcccaag cctgcttgac1080
35 ctccaagtag agctgataca gagatctgtg aatattgtga tagaaattct ttggtattca1140
tacatttcag ctgcaagtca gcaatttccc aggtaccatg taagctataa aacagtcatt1200
cttaaagaca gaggatagct gtgactcatg ggatcatgag gtccatggct ggttcaggt1260
tccctttttc cttcctcagg ttttgtctct tctgtgttg tccccagcaa gggagagact1320
gtggggtgga ttgggagaac agattaggag tatagcaaat gaaccagaa tggaaacagt1380
40 gggagctaac tgtgaatgag gagagtacct gctgcaggac ctggaggta ggtgtgaatg1440
ctgtattggc acaggaata aatatcctgg cgtctggagc cttcacctct cctcaagtcl500
cttcctgtga tactgccatg gcacaggatc tgagttgcag ctctgcaccc taaatcacac1560
cctgggcatt gtctgggctg cagggtgcc aggttctgta cttgtgtcca gctgtggccc1620
tggatgcccg aaactgggag gggtttcttg tgccagaat gtagcctgta acgcttgggc1680
45 gccttttaaa gccccccctg gggcc 1705

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1516 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

15 gtttattctt agtagttgga actaatgtag tctgactaaa atacacatgg gtgtctgctc 60
 tgtgatgttt aaacttatct gttttgtttg gttttcattt caggaagcag aagtgcagc 120
 aaagcagcaa gcatgaacct taagcactgt gctttaagca tcctgaaaaa tgagtctcca 180
 ttgcttttat aaaatagcag aattagcttt gcttcaaaag aaataggctt aatgttgaaa 240
 taatagatta gttgggtttt cacatgcaaa cattcaaaat gaatacaaaa ttaaaatttg 300
 aacattatgg tgattatggg gaggagaatg ggatattaac ataaaattat attaataagt 360
20 agatatcgta gaaatagtgt tgttacctgc caagccatcc tgtatacacc aatgatttta 420
 caaagaaaac acccttcctt ccttctgcca ttactatggc aacttaagtg tatctgcagc 480
 tctacattaa aaaggagaaa gagaaataac ctgtctctca ttcctaagtt gcctcattaa 540
 ttttcatgaa caagaatatg tacctttttg atgctatatt actgcgatta aaaagttctt 600
 gcaggtaatg tttatgatat gttaaacgtt gtaatttctt atcgtaatta taacattccc 660
25 attcttttgt agatgaaact tctacatatt gaaccacaga ttttctgagc ttctaaatgt 720
 agcctttcat tgcacatttc agtgatcaga atagatatcc ttttacacgc acaaaagcaa 780
 tagattcatt cagtggacaa gttccttgtt taactacaca gctatgatgg aatgatatat 840
 ccaagttcct tgcctcagtg aaatatgcat atgtatatca tgaaagtggg atgccaagta 900
 agcttaaaat ggcattctct agcaaaagaga ttagactttt aaataactct tataaaacag 960
30 gttggcgatc atttcccaag attggtttcc cttgagtttt tgctaaaaca aatcttagta1020
 gttttgcccg tttaaaacaa ctacacatcg taaatgctac tattcctaag atatcttacc1080
 tttttatttc agtttagcca tgtattgtat gagtgtatta gtctaagcag tgagaatctt1140
 ttctatgcct ctattccagc aaaaagtaga agtatcaaat aaaaagggca actttttaa1200
 tattaagcct gaagacttct aaaaagacaa gaaacatggc ctataataacc aacatagatt1260
35 tacatagtaa gttcacact accttattac caaaagcaaa cacctcttac tttaaactac1320
 attatcatgt atatctattg tatgctgggc tttacttttt gccaaaatca acatataatg1380
 aagagatgcc tttgtttcat gagattcaaa cttgatgcta tgctttaaaa taaactcagt1440
 acttttagaa acataaaaaa aaaaaaaaaa aggcgacccc ccgagtagtg ggcccgcgcc1500
 cggggatttt tccggg 1516

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
45 (A) LÄNGE: 1490 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
50 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```

10 gaataaaagg ctggccagac ccagtggcgt cctttcccag acctttcttg gcacaaagcc 60
 tttgctgcct ggcttgagg ccctgcccgc tacattctct ggaccccact atgtgcctgg 120
 caaagggcta gtgccttgag gaaactgagg tagctgggtt ggtccccttc caggaattca 180
 gagtctggtg gcaggggcat gggaaataga cagatgtaat tctatagcct gggcctggca 240
 ccctccacct ccacgccccca ccagcattgc cttacgcctc ccttgcccca cgttagatgg 300
 tttcttccgg ttttgactc tggctgcccc ttggagtctc ctggggagct gtaatatctc 360
15 tttggagatt cagattgagc tggctaggt tgtggcccag gcattgggca ttttgaagc 420
 cccaggtgt tttcagcttg cagccaggcc gagagagagc ccctgagtc gatcccatg 480
 gtttaggcac acctagcggg aggggtggct cctggacccc accgtggttg gagagctgag 540
 catgtgtgtg gcttttagtg ggtctgttag ttatgggggt ctgggcactg gagctgcagg 600
 acacttgga tcccaggcca gaaagggcca gatgagcaac taggaaagac ttgggggcca 660
20 gggcgaggtg gggtcacctg acactcttgt gagggccctt ctagtgcctg ctcacaccgg 720
 aatttcattc actccaagaa gccatcaggg gtaagatacc ttcctttaa cgtcactaag 780
 aaagaagagg cctgccgtg acacagtaag atgccattga tctaaagat cgtcttgatt 840
 tcagaaaggt ccggaagtgg aaagcaggtt tcagggtgc tgaggtagc ggttctcctg 900
 taggccccag ggatggtctc aggggtgctg agtgcgtgcg tggtaaattg atggagccca 960
25 ggggcgcctc ctgccagtgt cctccaggca ctcaaaccta gcccttctga agccgacctc 1020
 acgtgacctc acagcccctc ctgaaggcgc ctactgatg acggtgggtg gaataacagc 1080
 ccccagagat gtccagggtt ggaaccccag gacgtgggaa agtgttacct tgcgtggcaa 1140
 aagggaaccg gcgcctgtgc ttcagttcag gatttcgtgg tggggagatg accgtggatg 1200
 gttgaggtgg gccctgagta atcatggggg cccttataag ggaaggggag tcacgagggg 1260
30 ctgcgcagtga agcaaggaag cttctggctg tgaagatggc aagaaggcct ggggccaggc 1320
 gatgaggtgg cccctggagg agctggaaaa ggcattggat tctgccccag agcctccgtg 1380
 gagaaacaaa gccgcactga caagacttca gcctggtgaa aaccattttg gactcctgac 1440
 ctctagaact gtaagataat aaattggtgt ggttttcaac ctctcaaatg 1490

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2513 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

ctcgagccga ttcggtttca gcagaaagt atggaaaaag aaactgaaaa gcgcatttct 60
gaaatcgaag atgctgcatt cctggccccg gagaaagcga aacaagatgc tgaatattat 120
5 gctgcacaca aatatgccac ctcaacaag cacaagttga ccccggaata tctggagctc 180
aaaaagtacc aggccattgc ttctaacagt aagatctatt ttggcagcaa catccctaac 240
atgttcgtgg actcctcatg tgctttgaaa tattcagata ttaggactgg aagagaaagc 300
tcactccccct ctaaggaggc tcttgaaccc tctggagaga acgtcatcca aaacaaagag 360
agcacagggt gatgcaagag gtggaatgt tctccatata aagatgtggc ccaaggggtt 420
10 aagtgggaac aatcattata cggactcttc agatttacag agaacttaca cttcatctgt 480
tccacctctc ctgcgatagt cctgggtgct ccactgattg gaggatagag ccagctgtct 540
gacacacaaa tggctctttc agccacagtc ttatcaagta tcctatatgt attcctttct 600
aaactgctac tcatgaatga ggaaagtctg atgctaagat actgcctgca ctggaatgtt 660
aaacataaaa tctataacaa gctgtgtttt cctaagctga gatctgttga ataattgtta 720
15 cactcgtccc ccggggaaat gtatgtctag ccaccattca agagatgact gagaaggaga 780
tggttaagttc aagaagactg attgcacctg ggacccaggc cctttctttg ggatccagtc 840
ccagccttca tccatgtgat taagatccag gccgctgaag ttcccaggga aatgatcttc 900
cacttgagca accttttact tgatacgatt tgcaccttcc tgttttctctg cagtcagggt 960
ggtggcctgc agggacctga gctttgctac ccaaccagat tcctcataga gattcctaatt 1020
20 cactagtttc ttgtattcat aaactcagag atacagaggg cttggtttga agttgggtg 1080
agatgaaacc tttgctctga gccaaagctc tggggccttg cattccctgc attgggttga 1140
tgactgtcag catcactgcc gcagcatgct tgactaagggt acctggtttt agccacagcc 1200
acctccttgt atgttacctt tcagctctgg ccaagagtgg gacagggttt taaccacaaa 1260
taggagcagc atgcaattcc tagtgacttg ctgcacagta ttgtatcata attacaggaa 1320
25 gtttttattt ttaaaactgg atctggggta tattcatttg ccccatcacc tctgtctaaa 1380
ggcccaagtc ctagggtgct catgggtcaca agcacactga tgctccttaa gattgtttat 1440
ctggagccca catagtgtgg aacaaaaagt cacctagaaa gcaccccttg tcatcattgt 1500
ctccttccca cctggcccag agatgcttaa atccaagttg tttctccagc tgtcacctcc 1560
cccaggagat caggaattcca ctgacgtcct gggcagccag tgaatttaaa tttccatgag 1620
30 aaacaacaga gttaacctgt ggcattagga gacctacttc atgtggaccc ttttttctct 1680
tcagttaaac ttttctggag cagtgtgctg cgtagtccgg cctgagtttg tgcagcttgt 1740
taagacaact cttgtgtacg ctatgttgaa gctcaacaaa aaagtcatgg gaccacttct 1800
agaaatcttt cagctgtcag gcctgtcagt ctcatgacag tttgttggtt gtgccaaaca 1860
ctttatttgg gaaaggaaaag cccagatttg aatgggtctt tcccctgggc cttatcctat 1920
35 agaggcattt gtaatatgga gaaaataatt tttcattttt gtcatttaa ttctataaa 1980
tctctttata aatgaatttt gtgttcttta gttctcctta aaagaacttt tgaattataa 2040
aaataaaatc tttacctgtc gaattgttgc tgcagatgat tgttgtggaa aatctggatc 2100
attgacctct gtgctttcat tcctagagat gttttatagt tacatgagca aaagctgttg 2160
ccccaaagt atggccctgg aggcggggct gaggaacagg gaaatgccgc tgtgaagtct 2220
40 taaagcactt ctgcttaaac tcccatgtgt gaggagtgtg cctccctgtg cctctcagc 2280
tctgaggctg gccgtctttc ggggtgttcc ttttggcaaa tatacactgt aatcttgagt 2340
ctaaatttat atgttgaaat gctacctttt ttaaaataag aaactaaata aaattatttt 2400
actatcaaaa aaaaagaaaag gggagggag gggcggagg gggtaggagg gggggggggg 2460
gagggggggg aggggaatgt ctcgagaggg ggggggtggg ggcgccgtcg agc 2513

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

10

accgacggcc gccctttttc gtcttttttt tttttacatt tcaaatatat tttattactt 60  
 tccatctttag aaagaatatg aaacctgcat gcaatgctaa tggtttctga catgtacata 120  
 gcatataaca cagcagtaca atgcggcata tactgggggg cagtgtgtgg agggggcgtt 180  
 cttaagggta tatgtacaga ggaaagggcg catgggtcatc ttagctttcg aaagaggact 240  
 15 gcactgttta acattgaaga attacatggg gaatcacaaa tatattgctt tagtactgca 300  
 tgttctgttg tggtagaggga aagaaacatg ctttgaagggt tttcccttgt caacagaatg 360  
 tgtgtctgta gctgtgtatt gcgcatgtat tcatatattt ttaagttttc tcctaagggt 420  
 tttgtcgaca gtgttgggaa cctcacatgc ttctgaagca ttaaatattg aacctgtgaa 480  
 cctttcagaa atcctcaggt tgggaaagac ccacacactt ctttaaggat catttgtctc 540  
 20 gccatcacag gatcttggaa atgtttccta ggtgtgtgaa aaattaacca ggggggaatg 600  
 aagcacattt ttctggcaac caaacttgag ttctcagag aacagatgca gagagacctg 660  
 ctctgtcttg cccggctaca ggggccactg tggagtcaca ctgaggctgt gaccggccat 720  
 aagcccagga gagcccgttg cagctgtgcc gaggcgccag gacctctaag cggaagcttc 780  
 ccaagctagg aatggagcaa cactgcaatg aaatgtgtcc accaagctca ttgttctctc 840  
 25 cgggcgctta taaagctcag atgtatagtg acgtatggac aaatacaaaa aaaaaaaaaa 900  
 aaaaaaaaaa aaaaaaagcc ttcttttctc acaggcataa gacacaaatt atatattgtt 960  
 atgaagcact ttttaccacac ggtcagtttt tacattttat agctgcgtgc gaaaggcttc1020  
 cagatgggag acccatctct cttgtgtctc agacttcac acaggctgct ttttatcaaa1080  
 aaggggaaaa ctcatgcctt tcctttttta aaaatgcttt tttgtatttg tccatacgtc1140  
 30 actatacatc tgagctttat aagcgccccg gaggaacaat gagcttgggtg gacacatttc1200  
 attgcagtgt tgtccattc ctagcttggg aagcttccgc ttagaggctc tggcgccctc1260  
 gcacagctgc caggggctct cctgggctta tggccggtca cagcctcagt gtgactccac1320  
 agtggccccct gttagccggc aagcaggagc aggtctctct gcatctgttc tctgaggaacl380  
 tcaagtttgg ttgccagaaa aatgtgtctt attccccctt ggttaatttt tacacaccct1440  
 35 aggaaacatt tccaagatcc tgtgatggcg agacaaatga tccttaaaga aggtgtgggg1500  
 tctttcccaa cctgaggatt tctgaaagggt tcacagggtc aatatttaat gcttcagaag1560  
 catgtgaggt tcccaacact gtcagcaaaa accttaggag aaaacttaaa aatatatgaa1620  
 tacatgcgca atacacagct acagacacac attctgttga caagggaaaa cttcacaagc1680  
 atgtttcttt cctcaccac aacagaacat gcagtactaa agcaatatat ttgtgattcc1740  
 40 ccattgaatt cttaaatgtt aaacagtgca gtctcttttc gaaagctaag atgaccatgc1800  
 gccctttcct ctgtacatat acccttaaga acgccccctc cacacactgc cccccagtag1860  
 tacgcaggca ttggtaccgg ctggtgttaa aatggctatg ggacatgggc aggaaaccat1920  
 ttaggcattg gcattgaggg ttccataatc cgtttctaag ga 1962

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

45

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 788 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 50 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

cggtgcccc gccgcggg cgagatggat tccgggtgct ggttggtcgg cggcgagtgc 60  
gaggactcgg tggtcgagga gagccggag cggcggtcag gaccgccgc gtcctactgc120  
gccagctct gcgagccgca gtggttttat gaagaaacag aaagcagtga tgatgttgaa180  
15 gtgctgactc tcaagaaatt caaaggagac ctggcctaca gacgacaaga gtatcagaaa240  
gcactgcagg agtattccag tatctctgaa aaattgtcat caaccaattt tgccatgaaa300  
agggatgtcc aggaaggcca ggctcgggtg ctggctcacc tgggtaggca tatggaggcg360  
ctggagattg ctgcaaactt ggaaaataaa gcaaccaaca cagaccattt aaccacggta420  
ctctacctcc agcttgctat ttgttcaagt ttgcagaact tggagaaaac aattttctgc480  
20 ctgcagaaac tgatttcttt gcctcctttt aatccttga actggggcaa attggcagag540  
gcttaacctga atctggggcc agctctttca gcagcacttg cgtcatctca gaaacagcac600  
agtttcacct caagtgacaa aactatcaa tccttctttc cactcagg aaaagactgt660  
cttttgtgtt ttctgaaac cttgcctgag agctctttaa ttttctgtgg aagggatagc720  
aggaatggca ggaaaattgg gaagtgttgc aaatgtgcca acctggttgg agaaaggggg780  
25 acaggttt 788

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 299 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

50 aacctccctc gaggaattg atcttcagcc ctccacctc acaatctaca cagcagcctt 60  
gaaggaaaag acgcagact tcagacgtct ctctcctcgc gtctcggaga ccgcggactc120  
ccgtaaggtc gcccggtggc cccgatttgt aatgcgggac aacccgggc gcgggggtga180  
tcatagggt ctccaggcgc cgggtggat gaaggagggt cgggatggg gggttttgta240  
55 aagggggctg tagaaggcgg aaggaaggat gaaatttggg aggggggggg gggggtcac 299

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 2263 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

25

attacgacaa ctcttctaca tgtaagaaag gaaaggtatt ccctgggaag atttcagtga 60  
 cagtatcaga aacatttgac ccagaagaga aacattccat ggccatcaa gacttgcata 120  
 gtgaaattac tagcttggtt aaagatgtat ttggcacatc tgtttatgga cagactgtaa 180  
 ttcttactgt aagcacatct ctgtcaccaa gatctgaaat gcgtgctgat gacaagtttg 240  
 30 ttaatgtaac aatagtaaca attttggcag aaaccacaag tgacaatgag aagactgtga 300  
 ctgagaaaaat taataaagca attagaagta gctcaagcaa ctttctaaac tatgatttga 360  
 cccttcggtg tgattattat ggctgtaacc agactgcgga tgactgcctc aatggtttag 420  
 catgcgattg caaatctgac ctgcaaaggc ctaaccacac gagccctttc tgcgttgctt 480  
 ccagtctcaa gtgtcctgat gcctgcaacg cacagcaca gcaatgctta ataaagaaga 540  
 35 gtgggtggggc ccctgagtgt gcgtgctgctc ccggctacca ggaagatgct aatgggaact 600  
 gccaaaagtg tgcatttggc tacagtggac tcgactgtaa ggacaaaatt cagctgatcc 660  
 tcactattgt gggcaccatc gctggcattg tcattctcag catgataatt gcattgattg 720  
 tcacagcaag atcaataaac aaaacgaagc atattgaaga agagaacttg attgacgaag 780  
 actttcaaaa tctaaaactg cggctcgacag gcttcaccaa tcttgagca gaagggagcg 840  
 40 tctttcctaa ggtcaggata acggcctcca gagacagcca gatgcaaat ccctattcaa 900  
 gacacagcag catgccccgc cctgactatt agaatacataa gaatgtggaa ccgccatgg 960  
 cccccaacca atgtacaagc tattatttag agtgtttaga aagactgatg gagaagttag 1020  
 caccagtaaa gatctggcct ccggggtttt tcttccatct gacatctgcc agcctctctg 1080  
 aatggaagtt gtgaatggtt gcaacgaatc cagctcactt gctaaataag aatctatgac 1140  
 45 attaaatgta gtagatgcta ttagcgcttg tcagagaggt ggttttcttc aatcagtacal 1200  
 aagtactgag acaatggtta ggggtgtttt cttaattctt ttcttggtag ggcaacaaga 1260  
 accatttcca atctagagga aagctcccca gcattgcttg ctctgggca aacattgctc 1320  
 ttgagttaag tgacctaat cccctgggag acatacgcac caactgtgga ggtccgaggg 1380  
 gatgagaagg gataccacc acctttcaag ggtcacaagc tcactctctg acaagtcaag 1440  
 50 atagggacac tgcttctatc cctccaatgg agagattctg gcaacctttg aacagcccag 1500  
 agcttgcaac ctgacctcac ccaagaagac tggaaagaga catatctctc agctttttca 1560  
 ggaggcgtgc ctgggaatcc aggaactttt tgatgctaag tagaaggcct ggactaaaaa 1620  
 tgtccactat ggggtgcact ctacagtttt tgaaatgcta ggaggcagaa ggggcagaga 1680  
 gtaaaaaaca tgacctggtg gaaggaagag aggcaaagga aactgggttg ggaggatcaa 1740  
 55 ttagagagga ggcacctggg atccaccttc ttcttaggt cccctctcc atcagcaaaag 1800  
 gagcacttct ctaatcatgc cctcccgaag actggctggg agaaggttta aaaacaaaaa 1860  
 atccaggagt aagagcctta ggtcagtttg aaattggaga caaactgtct ggcaagggt 1920

gcgagagggg gcttgtgctc aggagtccag cgcgccagcc tcgggggtgta ggtttctgag1980  
 gtgtgccatt ggggcctcag ccttctctgg tgacagaggc tcagctgtgg ccaccaacac2040  
 acaaccacac acacacaacc acacacacaa atgggggcaa ccacatccag tacaagcttt2100  
 tacaagtgtt attagtgtcc ttttttattt ctaatgcctt gtcctcttaa aagttatttt2160  
 5 atttgttatt attatttgtt cttgactgtt aattgtgaat ggtaatgcaa taaagtgcct2220  
 ttgttagatg gtgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1284 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

### 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

aaaaatgggc taaactagct ccagagaact tgtgaattct ttgctaaagc ctctggcaaa 60  
 aacggcattt gatgaagcaa ttgctgaatt ggatacgtg aatgaagagt cttataaaga 120  
 cagcactctg atcatgcagt tacttaggga caatctcact ctgtggacat cggaaaacca 180  
 35 gggagacgaa ggagacgctg gggagggaga gaactaatgt ttctcgtgct ttgtgatctg 240  
 ttcagtgtca ctctgtaccc tcaacatata tcccttgtgc gataaaaaaa aaaaaaaaaa 300  
 aaaaaagagt cgtacgtcga ctttcgattt ttcacagcct cagcctagga aaaatggttc 360  
 atgggataaa cagctggtat ttgtatctaa aactcagatt ggtcacataa atgccacggc 420  
 attccgaagt tttgattttg attaacattg acaggattac tgtgtgttta attttttaaa 480  
 40 aactgaacac tgtgattatg gggttttgta atttagcaga actcttactg gtagaaaaaa 540  
 tagacctgaa ttatgtgtaa ctttttggaa ggtttaatct gatatcaaaa taatcattga 600  
 aatacaattc cattgtaaag ttgtacagaa agttatagag attatattgt gatgctggaa 660  
 cttggagtga gacacacatc atttggcatt tgagttgaat ggtaattcac agtaatgctg 720  
 ccgttgttcg ggacttaaag acacttgacc tgtttgggct gttgccactt aaaagtctat 780  
 45 gaccacaaat gtccacagtg tcttcctctg aggaaactcg aatcctgaaa tggaaattct 840  
 ttgtggcaga taactggctt atgacacctt gaaaagttca agtgctcata taacacacca 900  
 cactgaaccc ctttctctac agcaatatgt tcactatgtt accaatttgc aacttgtgct 960  
 tcaatagtgg aatctacttt cattgttaac actgagctaa agaaaaaaag ccgtgtgttt1020  
 tatgaatgac cttatctgtt tccctggataa tacctttaag aataatgtcc tgagtcaggc1080  
 50 gtgggtgtgc gtgcatctag tcccaactat ttgggaggct gaggcaggag gatcgcttgall140  
 gccaggagt ttaaagctgc agtgccctgt ggttgacact gtgaataact gcactccagc1200  
 ctgggcaaca tagcgagacc tcatctcaa aaaagaaaaa aacacaaaag gatgtgtctg1260  
 taagaggctt ccctggggga ccag 1284

### 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1335 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```

gggtgacata atgacagggt aaatatttgt gattcattga ttaaataatta tttaaagaaa 60
tgtaaaattca caataagggt tgaaaattat ttgggttcat ccattgtctc ttatttcagg 120
25 accaagcagc aaactgcagt agtttgtgaa ggattctaat atgggggttca ggaatagcct 180
ctcaacgcta ctaattcaga tctctcccag agaactactg gatttcctca taattgacaa 240
acatgagtga ccacctcttt gggtggctac tgttagaaat ggctgtgtgc atgttttctg 300
gactttgccg gccaacagat cctgtccagg ttttggaat acttctatta cctcgctgct 360
acttttctgc agggataaaa cttttgagggt ggccagaccc agaacatcca aggattcctg 420
30 ttacagtgtc acagtataca ctgtcattt atcctattct catgtgcttt cttctttagt 480
aagattatatt taagaaaata agtgatattt aaagtccaaa gaggaatgat cacagttgta 540
taaggggtgt tttcccaact gaactctgat gtcagtgcac tgtgggtcag agctacaacc 600
atctgttttg ttgtatgttt tggtggttta cttacggagt ggggatagtg tgagacctaa 660
ttccctgtgc aaatgtctct tattccagaa atgtgcattt tgcatctat aagcaagaaa 720
35 tatgggcata gcagctcttg gtttaaagtt tgccataacc tgttcatgtt tgttttaagc 780
tcaggtaaaag ataacctcct ctttctatga ctccagtttc cattcagggt atagtattat 840
tcaatagttg attttctttt taagctgggc aataaattga tgtttcaga tggtaacatg 900
ggagagggca tataggataa agatgagcaa attctaccct aaaaatgttc tagtagttca 960
caggaagaag atgagggtta ataactttca aggtaatctt agattgacat tttgagggga 1020
40 aaatgggctc ttgttctagt tgaagtgagc agagaaggct ataaattaat atgtaactta 1080
cagcattcca gaggttaaaa ataactgatg cagatgtact tcttcagtgt gattcttcag 1140
atcaaacttt tacttttggc atagttaatt tcagaaaaat gtgctgtatg tgtgtgtgat 1200
tgaggggttg tcttgctgat ccttcagtta gctctaaatt ctggcaactc cttgtaattc 1260
ccatgtatatt gataccatga accaatcatg ttgaatgcgt ttggtgatct ggggagcctc 1320
45 ccccgctctc ccagg
1335

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

15 ggcttggtggc ggetctgcc caggggcagg tgttgagggg ctcccgggtcc ggctgccgcc 60
 gctccccgcg tccggaccgc gggctcccc tagcgccgct gaggagccgc ctctgcggtc 120
 caggagggcg caggagcggg actgagagcg cctggaggct cgagcagagg atagaaggac 180
 aaggacagaa tcaccagcac tggctgaagg taccttaaca tggggaatct tcttaaagtt 240
 ttgacatgca cagacctga gcaggggcca aattttttcc ttgattttga aaatgccag 300
20 cctacagagt ctgagaagga aatttataat cagggtgaatg tagtattaaa agatgcagaa 360
 ggcatcttgg aggacttgca gtcatacaga ggagctggcc acgaaatacg agaggcaatc 420
 cagcatccag cagatgagaa gttgcaagag aaggcatggg gtgcagtgtg tccactagta 480
 ggcaaattaa agaaatttta cgaattttct cagaggttag aagcagcatt aagaggtctt 540
 ctgggagcct taacaagtac cccatattct cccaccagc atctagagcg agagcaggct 600
25 cttgctaaac agtttgaga aattcttcat ttcacactcc ggtttgatga actcaagatg 660
 acaaatcctg ccatacagaa tgatttcagc tattatagaa gaacattgag tcgtatgagg 720
 attaacaatg taccggcaga aggagaaaat gaagtaaata atgaattggc aaatcgaatg 780
 tctttgtttt atgctgaggc aactccaatg ctgaaaacct tgagtgatgc cacaacaaaa 840
 tttgtatcag agaataaaaa tttaccaata gaaaatacca cagattgttt aagcacaatg 900
30 gctagtgtat gcagagtcac gctggaaca ccggaataca gaagcagatt tacaatgaa 960
 gagacagtgt cattctgctt gaggttaatg gtgggtgtca taatactcta tgaccacgta1020
 catccagtgg gagcatttgc taaaacttcc aaaattgata tgaaagggtg tatcaaagtt1080
 cttaaggacc aacctcctaa tagtgtggaa ggtcttctaa atgctctcag gtacacaacall140
 aaacatttga atgatgagac tacctccaag caaattaaat ccattgctga ataacaattc1200
35 tggataaagc acctgctgta gacagaagac agtattctgc aatgactgag aatgcagttt1260
 tttagtgtat gcaattacta tctcatttat tcttgctttt atttctttcc tctgttcctc1320
 ttccctcttt tttaatcatg ttcttaagac ttcttttctg tgccaaaatc agtaaagttal380
 cactctgaag ggatcatc ctttcaaacg ggccatctaa ggcagcta atgcattgc1440
 attggggtct ctactgagaa aaattctgtg acttgaacta aatattttta aatgtggatt1500
40 ttttttgaac ctaatattta atattgcttc tctgcatgg caaaactgcc tattctgcta1560
 tttaaaacc ctcaatgact ttattttcta ctgccgcctt tttcatgtgc aacaaaatg1620
 aaaatgttta aattaactgt gttgtacaaa tggtagccaa cacaaacttt ttttaaattal680
 gtaatacttt tgtttaaagt ttttaagttg cattttgact tttttgttaa ggatgtatgt1740
 tgtgtgttta acctttatta actaacgtta aaagctgtga tgtgtgcgta gaatattacg1800
45 tatgcatgtt catgtctaaa gaatggctgt tgatgataaa ataaaaatca gctttcattt1860
 ttctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa
 1890

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1829 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partiell cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

15 gaccaacctg acgcagatcg agctgcgggg caaccggctg gactgcctgc ctgtggagct 60
 gggcgagtgc ccactgctca agcgacggc ttggtggtgg aggaggacct gttcaacaca 120
 ctgccaccog aggtgaagga gcggtgtggt agggctgaca aggagcaggc ctgagcgagg 180
 ccggcccagc acagcaagca gcaggaccgc tgcccagtcc tcaggcccgg aggggcaggc 240
 ctagtctctc ccagaactcc cggacagcca ggacagcctc gtggctgggc aggagcctgg 300
20 ggccgcttgt gattcaggcc agagcgagag gacagtatct gtggggctgg ccccttttct 360
 ccctctgaga ctcacgtccc ccagggaag tgcttgtgga ggagagcaag tctcaagagc 420
 gcagtatttg gataatcagg gtctcctccc tggaggccag ctctgccccg ggggctgagc 480
 tgccaccaga ggtcctggga cctcacttt agttcttggg atttattttt ctccatctcc 540
 cacctccttc atccagataa cttatacatt cccaagaaag ttcagcccag atggaagggtg 600
25 ttcagggaag ggtgggctgc cttttccctt tgctcttatt tagcgatgcc gccgggcatt 660
 taacaccacac ctggacttca gcagagtggg cgggggcgaa ccagccatgg gacggtcacc 720
 cagcagtgcc gggctgggct ctgcggtgcg gtccacggga gaggcaggcc ccagctggaa 780
 aggccaggcc tggagcttgc ctcttcagta tttgtggcag ttttagtttt ttgttttttt 840
 ttttttaate aaaaaacaat ttttttaaaa aaaaaagctt tgaaaatgga tggtttgggt 900
30 attaaaaaga aaaaaaaaaa ttaaaaaaaaa aaagacacta acggccagtg agttggagtc 960
 tcagggcagg gtggcagttt cccttgagca aagcagccag acgttgaact gtgtttcctt1020
 tccctgggag cagggtgcag ggtgtcttcc ggatctggtg tgaccttggg ccaggagttc1080
 tatttgttcc tggggaggga gttttttttg gtgtcttgtt ttctttctcc tccatgtgtc1140
 ttggcaggca ctcatttctg tggtgtcgg ccagaggga tgttctggag ctgccaaggaa1200
35 gggaggagac tcgggttggc taatccccgg atgaacgggt ctcatttgc accctccctc1260
 ctctgtcctg ccctgcctct ccacgcacag tgtaaggag ccaagaggag ccacttcgcc1320
 cagactttgt tccccaccg cctgcggcat ggtgtgttcc agtgccaccg ctggcctccg1380
 ctgcttccat cagccttgtc gccacctggt ccttcagaa gagcagacac ttagaggctg1440
 gtcgggaatg gggagggtgc ccctgggagg gcaggcggtg gttccaagcc ggttcccgtc1500
40 cctgggcctt ggagtgcaca cagcccagtc ggcacctggt ggctggaagc caccctgctt1560
 tagatcactc ggggtccccc cttagaaggg tccccgcctt agatcaatca cgtggacact1620
 aaggcacgtt ttagagtctc ttgtcttaat gattatgtcc atccgtctgt ccgtccattt1680
 gtgttttctg cgtcgtgtca ttggatataa tcctcagaaa taatgcacac tagcctctga1740
 caaccatgaa gcaaaaatcc gttacatgtg ggtctgaact tgtagactcg gtcacagtat1800
45 caaataaaat ctataacaga aaaaaaaaaa
 1829

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 2358 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

15 cgaacgccc cggagtgagg cagttccgct ggctagtgtg tacgcgccga gcttctccc 60
 gcgcgcgccg ctgcgctccc atagcgccc cgacagggtc cggacgccc ccgaacatgg 120
 actccgccc ccaagatata aacctgaatt ctcttaacaa aggtctgctg tctgactcca 180
 tgacggatgt tcctgtcgac acaggtgtgg ctgccggac tcctgctgtt gagggctctga 240
 cagaggctga ggaggaggag ctccagggtg agcttaccac ggtggaagag gaaattgtca 300
 ctctgcgcca ggtcctggca gccaaaggaga ggcactgtgg agagctcaag aggaggctgg 360
20 gcctctccac cctgggggag ctgaaacaga acctgtccag gagctggcat gacgtgcagg 420
 tctctagcgc ctatgtgaaa acttctgaga aacttgaga gtggaatgag aaagtgacct 480
 agtcagacct ctacaagaag actcaggaaa ctctttcaca ggcaggacag aagacttcag 540
 ctgcctgtc cacagtgggc tctgccatca gcaggaagct tggagacatg aggaactctg 600
 cgaccttcaa gtcgtttgag gaccgagttg ggaccataaa gtctaagggt gtgggtgaca 660
25 gagagaacgg cagtacaac ctcccttctt cagcggggag tggtgacaag cccctgtcgg 720
 atccgcacc tttctaagcc tgtggttgc taccgcctg cagagcacac gcaaccagc 780
 ctcagcatca cagccgcagc tctgttcagc ggagcagcca gccagggcgg atgagcagag 840
 ccggccctga ggacagtcct gccatccac gcggagatgt ggctgccgct tttgcatgaa 900
 tttgaagaac acaggcttgt acacagatgt tttactca cgtttgtaga tgaaacagat 960
30 cactgtgctg tccttcttag ggggtgcagga agtgacagg gcggagggtt tgaaagaata 1020
 ttgagccaaa gccaggctc ctttgggaa tcatgttagc ccatcagaat gttgaaggat 1080
 tgaagagttc taagcataaa ataagtggca ttttctgact tcttctcct cctccttccc 1140
 tgactcacag aaggaatgca atcaccagc aagtcctacc tgtaacgcaa tttttatct 1200
 caaaatgccg aacgagaaaa ctgtccattt tctgagacct ccagaaagga aactgacct 1260
35 cagcagctgc ctgattgta cgcgaatcta gcttaacgg aagcaaatc attattttt 1320
 aaatgcagtg gacttttcaa aaagttaaa ttaggcaaag cagctttagc ctcatagaat 1380
 attatttctt tggactcaag ctgaaataca agccttacat tgccttatgc tttatttct 1440
 tctaattttt atatgtatat agatgagggt tccttaatgg ttgtgagcat tgtgtggaat 1500
 tttacacctg gcctgcgtgg cagcctctt cagttgaggt gttttatgtc acgcacact 1560
40 catccagtg taaaaacct gcttctctt tcaaccgtgg cagctccgc tggctcctat 1620
 gcctgcctt aaagggtct tgagcctct ggaatgggag gggccaagag aaggaaaacc 1680
 ctgtctttag caccctttaa aagaactgtg ccccttctt cagtgtgctc tttgcatggg 1740
 cctgccccg ctgcgattcg tcagtgaact caaccctct gcttgcgtga cttgggatga 1800
 aacgaccca caggtcaggt ggagggtgg gcgtgggcat cagccaggat tgcggttaca 1860
45 gtctttttct caggagctac aaagatctt tcctgttact aaatggtcgc acccagcag 1920
 cctctctcgc acaccggggc cctgcatgtc agatggcgtg gtctgcagg ggagctctgt 1980
 gccttagtgg ctcttgccag gacactgagg gcctgcctgt ggtgtgccc gctctgccac 2040
 tcccgggagg ggaagggtct ctcaactcaa ggtgtcctgt tcggtagagc aagtgtcctc 2100
 tgacagccgt gtcccggag agttcagaca ccttgggga tggcactcca cacacgacag 2160
50 agatgcaggg gccagggaag cccagcgtc ggtgccctt gtccagggtt aaaatcgcc 2220
 tgtgggtgt ggtgagaagg caggtgtgtc ggggtgtgac cgatgtatct tttccttaaa 2280
 gttattataa taatgggtaa tttgtcaata aagcattcct ttgggggaaa aaaaaaaaaa 2340
 aaaaaaaaaa aaaaaaaa
 2358

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1646 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```

20 cagctgcgga actgcgcgat tgtgggtccc gccgtatttc ccgttcccca tctagtaact 60
 cccatctcag cccacgtatc tccctgagtg gaaatctcgg gccccagacc agtcgattgg 120
 gaggtccgcc ctccccttca gcgacttggt ctgtgttttg gcagttgccg cgacaacagt 180
 cacttccggg aagggggtct gcgaatctcc ttccgtcggg ccgctcagaa tcagctgtcc 240
 tctcagactg tgtgggtggg ttccccggcc gcagctccgt acgggcttgg attgctgggc 300
25 ctccgtgcac cccagcctcc cccactcggg ttctgagctt gagctggcgg ctctttaact 360
 ctgcttcact gttgctcttg gcaacatcca cttccgggag cgagtgccgt ttccccgct 420
 caccgcgggc tagggagcgt gggattccgg actgtgagcg gctgttagtg cgtcgagct 480
 gctggcgatc cggcgaccct cggccggcag gacccgcggg ccacgcagcc ggggccttct 540
 caacgcctca gtacctcggc gggaccgcca tggttctgct gcacgtgaag cggggcgacg 600
30 agagccagtt cctctgcag gcgctggga gtaccagct ggaggagctc acggtgcagg 660
 tggcccgggt ctataatggg cggctcaagg tgcagcgctt ctgctcagaa atggaagaat 720
 tagccgaaca tggcatattt ctccctccta atatgcaagg actgaccgat gatcagattg 780
 aagaattgaa attgaaggat gaatgggggt aaaaatgcgt acccagcggg ggtgcagtgt 840
 ttaaaaagga tgatattgga cgaaggaatg ggcaagctcc aaatgagaag atgaagcaag 900
35 tgttaaagaa gactatagaa gaagccaaag caataatatc taagaaacaa gtggaagccg 960
 gtgtctgtgt taccatggag atggtgaaag atgccttggg ccagcttcga ggcgcggtga 1020
 tgattgttta ccccatggg ttgccaccgt atgatcccat ccgcatggag ttgaaaata 1080
 aggaagactt gtcgggaaca caggcagggc tcaacgtcat taaagaggca gaggcgact 1140
 gtggtgggca gccaaggagc tgagaagaac gaagaagctt tcagactacg tggggaagaa 1200
40 tgaaaaaacc aaaattatcg ccaagattca gcaaagggga caggagctc cagcccgaga 1260
 gcctattatt agcagtgagg agcagaagca gctgatgctg tactatcaca gaagacaaga 1320
 ggagctcaag agattggaag aaaatgatga tgatgcctat ttaaaactcac catgggcggg 1380
 taacactgct ttgaaaagac attttcatgg agtgaaagac ataaagtgga gaccaagatg 1440
 aagttcacca gctgatgaca cttccaaaga gattagctca ctttctcct aggaattat 1500
45 aatttaaaaa aaaaaaaaag gccacttact gccctctgta aaagatgta acatttctag 1560
 ttttctttta gtgtgaattt ttaaaatagc agttattcaa ggttttagaa cttaataaat 1620
 acctagtcag aagaaaaaaa aaaaaa 1646

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3096 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

gcgggtgacg cgacgacggc tcgacacttt gctacggagt gcatcggacg tcgaagccta 60  
 gagtctctgc gtctttccct cttccgctgc ctcattcctt tccttcctag ccttggtcgt 120  
 cgccgccacc atgaacaaga agaagaaacc gttcctaggg atgcccgcg cctcgggcta 180  
 20 cgtgccgggg ctgggcccgg ggcgccactgg cttcaccacg cggtcagaca ttgggcccgc 240  
 ccgtgatgca aatgaccctg tggatgatcg ccatgcaccc ccaggcaaga gaaccgttgg 300  
 ggaccagatg aagaaaaatc aggctgctga cgatgacgac gaggatctaa atgacacca 360  
 ttacgatgag ttaaatggct atgctgggag cctcttctca agtggaccct acgagaaaga 420  
 tgatgaggaa gcagatgcta tctatgcagc cctggataaa aggatggatg aaagaagaaa 480  
 25 agaaagacgg gagcaaaggg agaaagaaga aatagagaaa tatcgtatgg aacgccccaa 540  
 aatccaacag cagtctcag acctcaagag gaagtggca gaagtcacag aagaagagt 600  
 gctgagcatc cccgaggttg gcgatgccag aaataaacgt cagcggaaac cagcgtatga 660  
 gaagctgacc cctgttccct acagtttctt tgccaaacat ttacagaccg gagagaacca 720  
 tacctcagtg gatccccgac aaactcaatt tggaggtctt aacacaccct atccaggtgg 780  
 30 actaaacact ccatacccag gtggaatgac gccaggactg atgacacctg gcacagtgg 840  
 ctggacatga ggaagattgg ccaagcgagg aacactctga tggacatgag gctgagccag 900  
 gtgtctgact ccgtgagtgg acagaccgtc gttgaccca aaggctacct gacggattta 960  
 aattccatga tcccagacac cggaggagac atcaatgata tcaagaaggc gcgactgctc 1020  
 ctcaagtctg ttcgggagac gaacctcat cacccgccag cctggattgc atcagccgcg 1080  
 35 ctggaagaag tcaactggga gctacaagta gctcggaaac ttatcatgaa ggggacggag 1140  
 atgtgcccc aagtgagaaga tgtctggctg gaagcagcca ggttgacgac tggggacaca 1200  
 gccaaaggcc tggtagccca agctgtccgt catctccac agtctgtcag gatttatcatc 1260  
 agagccgcag agctggaaac ggacattcgt gcaaagaagc gggttcttcg gaaagccctc 1320  
 gagcatgttc caactcggg tcgcttctgg aaagcagccg ttgagctgga agaacctgaa 1380  
 40 gatgctagaa tcaactgtag ccgagctgtg gagtgtgcc ccaccagcgt ggagctctgg 1440  
 cttgctctgg caaggtgga gacctatgaa aatgcccgca aggtcttgaa caaggcgcgg 1500  
 gagaacattc ctacagaccg acatatctgg atcacggctg ctaagctgga ggaagccaat 1560  
 gggaacacgc agatggtgga gaagatcatc gaccgagcca tcacctcgct gcgggccaac 1620  
 ggtgtggaga tcaaccgtga gcagtggatc caggatgccg aggaatgtga cagggtggg 1680  
 45 agtgtggcca cctgccaggc cgtcatgcgt gccgtgattg ggattgggat tgaggaggaa 1740  
 gatcgggaagc atacctggat ggaggatgct gacagttgtg tagcccacaa tgccctggag 1800  
 tgtgcacgag ccatctacgc ctacgacctg caggtgttcc ccagcaagaa gagtgtgtgg 1860  
 ctgcgcgcgg cgtacttoga gaagaacat ggactcggg agtccctgga agcactcctg 1920  
 cagagggtcg tggccactg ccccaaagca gaggtgctgt ggctcatggg cgccaagtcc 1980  
 50 aagtggctgg caggggatgt gcctgcagca aggagcatcc tggccctggc cttccaggcc 2040  
 aacccaaca gtgaggagat ctggctggca gccgtgaagc tggagtccga gaatgatgag 2100  
 tacgagcggg cccggaggct gctggccaag gcgcgacag tgccccacc gcccggtgt 2160  
 tcatgaagtc tgtgaagctg gagtgggtgc aagacaacat cagggcagcc caagatctgt 2220  
 gcgaggaggc cctgcggcac tatgaggat tccccaaagt gtggatgatg aagggcaga 2280  
 55 tcgaggagca gaaggagatg atggagaagg cgcgggaagc ctataaccag gggttgaaga 2340  
 agtgtcccca ctccacaccc ctgtggcttt tgcctctctg gctggaggag aagattgggc 2400  
 agcttactcg agcacgggcc attttgaaa agtctcgtct gaagaaccca aagaacctgt 2460  
 ggctgtggtt ggagtcgctg cggctggagt accgtgcggg gctgaagaac atcgaaaata 2520  
 cactcatggc caaggcgtg caggagtgcc ccaactcgg tctcctgtgg tetgaggcca 2580

tcttcctcga ggcaaggccc cagaggagga ccaagagcgt ggatgccctg aagaagtgtg2640  
 agcatgaccc ccatgtgctc ctggccgtgg ccaagctgtt ttggagtcag cggaagatca2700  
 ccaaggccag ggagtggttc caccgactg tgaagattga ctcgacactg ggggatgcct2760  
 gggccttctt ctacaagttt gagctgcagc atggcactga ggagcagcag gaggaggtga2820  
 5 ggaagcgctg tgagagtga gagcctcgcc atggggagct gtggtgcgcc gtgtccaagg2880  
 acatcgccaa ctggcagaag aagatcgggg acatccttag gctggtggcc ggccgcatca2940  
 agaacacctt ctgattgagc ggttgccatg gccggtctcc gtggggcagg gttggggccgc3000  
 atgtggaagg gctctgagct gtgtcctcct tcattaaaag tttttatgtc tcgtgtcaga3060  
 aaaaaaaga aaagaaaaa gggggcgccc gggggc 3096

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 1906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35 gcgctcgctg aggcaagagg agggcactcg gccgcggcct gacagggact tagcccacag 60  
 agaccggccc gcgcgcgcga cccacacccc acccactcgt ccactaccc actccccgcg 120  
 ccgcctcctc ccaccctgag cagagccacc gaggatgata aacacccagg acagtagtat 180  
 tttgccgttg agtaagtgtc ccagactcca gtgctgcagg cacattgttc cagggcctct 240  
 gtggtgctcc tgatgccct caccactgt cgaagatccc cgggtggcga gggggcggca 300  
 40 gggatccttc tctctcagct ctaatatata aggacgagaa gctcactgtg acccaggacc 360  
 tcctgtgaa tgatgaaaa cctcacatcg tccacttcca gtatgaggtc accgaggtga 420  
 aggtctcttc ttgggatgca gtctgtcca gccagagcct gttttagtaa atcccagatg 480  
 gattattagc tgatgggagc aaagaaggat tgtagcact gctagagttt gctgaagaga 540  
 agatgaaagt gaactatgtc ttcactgtct tcaggaagg ccgagaagac agagctccac 600  
 45 tcctgaagac ctacagcttc ttgggctttg agattgtacg tccaggccat ccctgtgtcc 660  
 cctctcggcc agatgtgatg ttcattgttt atcccttga ccagaacttg tccgatgagg 720  
 actaatagtc atagaggatg ctttacccaa gagccacagt gggggaagag ggggaagttag 780  
 gcagccctgg gacagacgag agggctcctc gctgtctagg gaaggacact gaggggctca 840  
 gggtaggggt tgcctattgt gttctcggag ttgactcgtt gaaattgttt tccataaaga 900  
 50 acagtataaa catattatc acatgtaatc accaatagta aatgaagatg tttatgaact 960  
 ggcattagaa gctttctaaa ctgcgtgtg tgatgtgtc tatctagcct aggggaggac1020  
 attgcctaga gggggagggg ctgctgtggg tcaggggcat ggctggagg gctggtgggc1080  
 agcactgtca ggctcaggtt tcctgtgtgt tggctttctg ttttggttat taagacttgt1140  
 gtattttctt tctttgcttc ctgtcacccc aggggtcctt gagtataggc ttttcagtcc1200  
 55 ctgggcagtg tccttgagtt gttttttgac actcttacct gggcttctct gtgtgcattt1260  
 gcgtctggcc tggagtaagc aggtccgacc cctccttctt tacagcttag tgttattctg1320  
 gcatttggtt aagctggctt aatctgttta atgttatcag tacattttta ataggggcat1380

5 tgaaatttac tcccaccacc agggcttttt tgggggatgc ctgggccttt aaaacactag1440  
 ccaaactcta attaattctc aaatcactgc caggagttct tgctcctggc tgcaggccca1500  
 ggccccaagg tctccttctt ggggtcacia acagcagtaa ggaagaggaa tatatagcaal560  
 10 ctcagggcct gggaattgtg gggcaatccg ttcttaggga ctggatactt ctggctggct1620  
 5 gagtatagta ctagctgcct ccccaccagg ttccgagtag tgtctgagac tctgctctgc1680  
 agggcctagg gtacgctggt gagtgtagaa gtggcctgcc cttaactgtt ttcactaaac1740  
 agctttttct aaggggagag caagggggag agatctagat tgggtgaggg ggacggggat1800  
 gtcagggagg caagtgtgtt gtgttactgt gtcaataaac tgatttaaag ttgtaaaaaa1860  
 10 aaaagaaagg gggggggtgg aggggaggga gggggaaaag aaaaaa 1906

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 349 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear  
 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA  
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

35 gctaagagga caagatgagg ccgggcctct catttctcct agcccttctg ttcttcccttg 60  
 gccaagctgc aggggatttg ggggatgtgg gacctccaat tcccagcccc ggcttcagct120  
 ctttcccagg tgttgactcc agctccagct tcagctccag ctccaggtcg ggctccagct180  
 ccagccgcag cttaggcagc ggaggttctg tgtcccagtt gttttccaat ttcacccgct240  
 ccgtggatga ccgtgggacc tgccagtgtc ctgtttccct gccagacaac aactttcccg300  
 40 tggacagagt ggaacgttg aattcacagc tcatagttat ttctcagag 349

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2142 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear  
 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA  
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

cagacccaga aagtagtgac cagccctcct cggattaccc ttcattggct cctcccttgc 60
gccgcccacc ctccagattt gcataaaaaa ggccaagaaa actctggctg tgccccagca 120
acgggtcatt ctgtctcccc gggtcggagc cccccggagc tgcgcgcggg cttgcagcgc 180
15 ctgccccgcg ctgtctctcc ggtgtccgcg ttctccgcgc ccagcccgcc ggtgccagc 240
ttttcggggc cccgagtcgc acccagcgaa gagagcgggc ccgggacaag ctggaactcc 300
ggccgcctcg ccttcccccg gctccgctcc ctctgcccc tcggggctcg gcgcccacga 360
tgctgcaggg ccttggtctg ctgctgctgc tcttctctcg ctgcactgc tgctgggt 420
cggcgcgcg gctcttctc ttggccagc cgcattctc ctacaagcg agaattgcaa 480
20 gcccatcccg gccaacctgc agctgtgcca cggcatcgaa taccagaaca tgcggctgcc 540
caacctgctg ggccacgaga ccatgaagga ggtgctggag caggccggcg cttggatccc 600
gctggtcatg aagcagtgcc acccggacac caagaagttc ctgtgctcgc tcttcgcccc 660
cgtctgcctc gatgacctag acgagaccat ccagccatgc cactcgctct gcgtgcaggt 720
gaaggaccgc tgcgccccgg tcatgtccgc cttcggtctc ccctggcccc acatgcttga 780
25 gtgcgaccgt ttccccagg acaacgacct ttgcatcccc ctgctagca gcgaccacct 840
cctggcagcc accgaggaag ctccaaaggt atgtgaagcc tgcaaaaata aaaatgatga 900
tgacaacgac ataattgaaa cgctttgtta aaatgatttt gcactgaaaa taaaagtga 960
ggagataacc tacatcaacc gagataccaa aatcatcctg gagaccaaga gcaagaccat1020
ttacaagctg aacggtgtgt ccgaaaggga cctgaagaaa tcggtgctgt ggctcaaaga1080
30 cagcttgca gtcacctgtg aggagatgaa cgacatcaac gcgcctatc tggctcatggg1140
acagaaacag ggtggggagc tgggtgatcac ctcggtgaag cgggtggcaga aggggcagag1200
agagttaag cgcactctcc gcagcatccg caagctgcag tgctagtccc ggcatcctga1260
tggtccgac aggcctgtc cagagcagcg ctgaccattt ctgctccggg atctcagctc1320
ccgttcccca agcacactcc tagctgtccc agtctcagcc tgggcagctt cccctgcct1380
35 tttgcacgtt tgcactccca gcatttctct agttataagg ccacaggagt ggatagctgt1440
ttcacctaa aggaaaagcc caccgaatc ttgtagaaat attcaaacta ataaaatcat1500
gaatattttt atgaagtta aaaatagctc actttaagc tagttttgaa taggtgcaac1560
tgtgacttgg gtctggttgg ttgttgtttg ttgttttgag tcagctgatt ttcacttccc1620
actgaggttg tcataacatg caaattgctt caattttctc tgtggcccaa acttgtgggt1680
40 cacaaccct gttgagataa agctggctgt tatctcaaca tcttcatcag ctccagactg1740
agactcagtg tctaagtctt acaacaattc atcattttat accctcaatg ggaacttaaa1800
ctgttacatg tatcacattc cagctacaat acttccattt attagaagca cattaaccat1860
ttctatagca tgatttcttc aagtaaaagg caaaagatat aaattttata attgacttga1920
gtactttaag ccttgtttaa aacatttctt acttaacttt tgcaaatata acccattgtal980
45 gcttacctgt aatatacata gtagtttacc tttaaaagtt gtaaaaatat tgctttaacc2040
aacactgtaa atatttcaga taaacattat attcttgat ataaacttta catcctgttt2100
tacctataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagg aa 2142

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15 cgtgggcgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgcggg tgctggtcac cggggcaggc 60
 aaaggtatag ggcgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtggtggct 120
 gtgagccgga ctgaggcgga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaaccc 180
 gtgtgcgtgg acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgctgggcag cgtgggcccc 240
 gtggacctgc gcggagactg cgccgacatg gagctgttcc tcgcgggccc ccgggtgctg 300
20 gtcaccgggg caggcaaagg tatagggcgc ggcaagggtcc aggcgctgca cgcgacgggc 360
 gcgcgggttg tggtgtgtg cgggactcag gcggatcttg acagccttgt ccgcgagtgc 420
 ccggggatag aaccgcgtgt cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
 ggcagcgtgg gccccgtgga cctgctggtg aacaacgcgc ctgtcgccct gctgcagccc 540
 ttcttgaggg tcaccaagga ggcccttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25 atccagggtg cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtcac aggggccatc 660
 gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgg gcagtaacta accatagcgt ctactgtctc 720
 accaagggtg ccctggacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gcccccacaag 780
 atccgagtga atgcagtaaa ccccacagtg gtgatgacgt ccatgggcca ggccacctgg 840
 agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttggcaa gtttgctgag 900
30 gtagagcacg tgggtgaacgc catcctcttt ctgctgagtg accgaagtgg catgaccacg 960
 ggttccactt tgccggtgga agggggcttc tgggcctgct gagctccctc cacacacctc 1020
 aagccccatg ccgtgctcat cctaccccc aatccctcaa taaacctgat tctgctgccc 1080
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g 1111

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5 atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60  
 tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120  
 ggacaagaga gagttaacat ctagacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtg tttctgggaa180  
 ccaccaacac ttgcaggttt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaacctgt240  
 ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat tttatcata300  
 tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtcac ctgggcggac tggtagtaca360  
 10 ttttgcttct tagaaagcta agtctgtggg tccgtctgat tttaggttcc aggaacttcc420  
 tgagaacacc cgatcgaga gggtaatttt ctggagttg ttttgcaggg atagctggga480  
 gtatggccac cctgtccac gatgcggtaa tgaatccagc agaagtggg aagcagcgct540  
 tgcagatgta caactcgag caccggtag caatcagct catccggac gtgtggagga600  
 ccgaggggtt gggggccttc taccggagct acaccacgcc gagccctatc tcgtgcc 657  
 15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 gcggtcggta gtgcggcgct gtttaaagat ggcggcggag gaacctcagc agcagaagca 60  
 ggagccgctg ggcagcgact ccgaagggtg taactgtctg gcctatgatg aagccatcat120  
 ggctcagcag gaccgaattc agcaagagat tgctgtgcag aacctcttg tgtcagagcg180  
 gctggagctc tcggtcctat acaaggagta tgctgaagat gacaacatct atcaacagaa240  
 gatcaaggac ctccacaaaa agtactcgta catccgcaag accaggcctg acggcaactg300  
 45 tttctatcgg gctttcggat tctcccactt ggaggcactg ctggatgaca gcaaggagtt360  
 gcagcgggtc aaggctgtgt ctgccaagag caaggaagac ctggtgtccc agggcttcac420  
 tgaattcaca attgaggatt tccacaacac gttcatggac ctgattgagc aggtggagaa480  
 gcagacctct ctgcgcgacc tgctggcctc cttcaatgac cagagcacct ccgactacct540  
 tgttgtctac ctgcggctgc tcacctcggg ctacctgcag cgcgagagca agttcttcga600  
 50 gcacttcacg gagggtggac ggactgtcaa ggagttctgc cagcaggagg tggagcccat660  
 gtgcaaggag agcgaccaca tccacatcat tgcgctggcc caggccctca gcgtgtccat720  
 ccaggtggag tacatggacc gcggcgaggg cggcaccacc aatccgcaca tcttccctga780  
 gggcttccga gcccaaggtc ttacctgtt ttaaccggct tggggcaatt taggtattgc840  
 tttttacaaa taggggtttg gtt 863  
 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

aattcggaac gagggcgccct gcaagccatg atgaccacc tgcatgtgaa gtctacagaa 60
cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcaccctctc caagtccgca 120
tcggaggctt ctccacagag cttacctcat actccaacga cccaaccgc cccctgact 180
cccgtcacc aaggccctc tgctcatcac accaccagca tgcacacggt gggacccatc 240
cgcaggcggt actcagacaa atacaacgtg cccatttcgt cagcagatat tgcgcagAAC 300
caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcatc ttttaattagg 360
caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420
acacgaatgt ttgcttactt ccgacgcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgtcat 480
aatcttagtc ttcacaagtg ttttgtgcga gtagaaaacg ttaaaggggc agtatggaca 540
gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa cccttcctt 600
attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660
tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccatgggaaa tcccactctg 720
ggcaacttag ccagcgcaat acgggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780
aacgagagtg acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840
aaagaagagc ccctcgatcc agaggaagct gaagggcccc tgtccttagt gacaacagcc 900
aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960
atggagtgac tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaaa aaaaa 1015

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2532 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60
tctggcccg cgtgctgact cccagaact catcctggac cagtgggtcc agctcagcag 120
ctctggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcatt aggatcctgt acttggattc 180
15 atcagaaata tgcttcccca cgggtgcctgg ttgtcctggg gcttgggacg tggacagtga 240
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctcga ccctgtcaca cgactcctga 300
tagccagttt gggactgagc atgtgcttcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360
tgccaaagac cgtttcttgg ggggactggg gaagggcaag tcagaccctt atgtcaaaact 420
aaagtttgca ggacgaagct tccggagcca tgttgttcgg gaagatctca atccccgtg 480
20 gaatgaggtt tttaggtga tcgtcacatc agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540
ctttgacaag gacttggaca aggatgattt tctgggcagg tgtaaagtgc gtctcaccac 600
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagt gctgacctg gaggatgtcc catctggccg 660
cctgcacttg cgcctggagc gtctcaccct cctgccact gctgctgagt tagaggaggt 720
gctgcagggt aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gactgggtg cggccctgct 780
25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgtgcga aaaggcacca agcacctcag 840
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900
ttcagccccct gtctgggatg agagtgcctc ctttctcatc agaaaaccac acactgagag 960
cctagagttg cagggttcggg gtgagggcac tggcgtgctg ggctcattat ccctgccccct 1020
ctcagagctc ctctggtgct accagctctg cttggaccgc tggtttacac tcagcagtggt 1080
30 tcaggggacg gtgctactga gagcacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggagt 1140
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctctctatcg ctgagtgaag aaccagagct 1200
ctcgggggga cccctcaca tcacctctct agccccagag ctccggcagc gcctaacaca 1260
tggtgacagt accttgagg ctccagccgg cctctgtggc caggtgaaac tgactctgtg 1320
gtactacagt gaagaacgaa agctggtcag cattgttcat ggttgccggg cccttcgaca 1380
35 gaatggacgt gatcctctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg 1440
aggcaccaag agggagacct cacagaagaa gaggacctg agtctgaat ttaatgaacg 1500
gtttgagtgg gaactcccc tggatgaggc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaa 1560
gtctaattcc tccttcatgt caagagagcg tgactgctgg ggaaggtgca gctggacct 1620
40 gctgagacag acctttccca ggggtgtagc cgggtggtatg acctgatgga caacaaggac 1680
aagggcagct cctaggagct ggcgagctcc cctctgactg ctctgtcttc ctgcctctgt 1740
ctcgtctcat caccgctca atgtgatgag cctaaagcta ggggtccaag gcagagcctg 1800
tgcccttcag ccttttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgccctg ccaaagagaa 1860
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggccctgg ggccgggacc 1920
tgagctggct gtttctctgt ttgcctgcac attgttctcc ctctctccca actcctcagg 1980
45 gccttctgta tctgtgctg gccagtggca gcactagcag tggattatgc ttatgcaaaa 2040
tacagctttg gaaggatctt tttttcttta actagatggg caccttcttc cctaccacac 2100
atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg 2160
tagcaaatgt tcagcagctc agggcccat gtccagttct gtccccactg tcctcaaccc 2220
tgtctgaaa atttactgc tttgatggct ggggccagtc tcttgctact ttggaaactg 2280
50 aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtagtggcat atcagtcttg gagctcctag 2340
ctgggtgatac ggagagggtc ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgcacaa 2400
gtgcctaggc tgctaactca ctgactagaa cttaatctgg tactttacag ttttgcacca 2460
actctgcaaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaaa aaaaataaaa 2520
ataaaaaaaaa aa 2532

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einz I  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20 tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60  
 gactggaatg cagtgcacaca atctcggctc actgaaacct ctgccttcca ggttcaagct120  
 attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtgggccac catgtctggc180  
 taattttttt ttttttttgt agagacaggg tttcgccatg ttgacgagac tggctctgaa240  
 25 ctccctggcct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300  
 gagccactga gcctggccct gaagcgtttt tctcaaaggc cctcagttag ataaattaga360  
 tttggcatct cctgtcctgg gccagggatc tctctacaag agcccctgcc cctctgttgg420  
 aggcacagtt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480  
 ttcccaggcc gcaccatttc tgtcactcac atggacccaa gataaaagaa tggccaaacc540  
 30 ctcaacaacc ctgatgtttg aagagttcca agttgaaggg aaacaaagaa gtgtttgatg600  
 gtgccagaga ggggctgctc tccagaaagc taaaatttaa tttctttttt cctctgagtt660  
 ctgtacttca accagcctac aagctggcac ttgctaacaa atcagaaata tgacaattaa720  
 tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

- 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 629 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 40 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

5 cggctcgact tccgttactt gctgcggagg accgtgggca gccaggggtcg gtgaaggatc 60  
ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120  
tcatacccca gaaccaaag gccattgcta gttccctgaa atcctggaat gagaccctca180  
cctccaggtt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240  
ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagtttaat gcgctgaagg300  
10 ttcccgtgcc agaggataaa tatactgcc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360  
aatcttgctg tgagtgggtg tctctctcaa aggccaggat tgtagaatat gagaaagaga420  
tggaagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480  
ctttcccaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540  
agaatttata aaattgagtc caggaggaaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600  
15 ttaaaaaataa taattatata aaaaaaaaaa 629

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

40 ggccggggagc agggggacac caggggtgaat caggaagacc cgaggggtgg ccccccacct 60  
ttctccaccc acgcggcagg ttccaggtgc cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120  
gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180  
tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccccaaca gccttccttg ggtggcgtct240  
45 ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300  
agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360  
tggaatgct gcagttagca gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgaggggtgt420  
ggcctccagg ggcccaggag ccctgcaccg tgaggccagc ccaggtggag ccactactgc480  
ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgctccc atccctggca gagtctagag540  
50 ccttggccca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggctg cggagccctg600  
cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggc tgcaggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660  
ggcagtcctc ctgagactcg gagcggggct gactggaaac aacacgaatc actcactttt720  
ccccacagga agaggaggtg aggggaagag gggggcgc 757

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1262 Bas npaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: inz I  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

aatttggtga agagtgattc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggc gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
cagctgcaga gatatcaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccaggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac gggtggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
ctaagtatgg tctcatttat catgcttcac tctggtggcca gacaagtccc aaacacaaaag 480
gaaagatttc tcgaatgctg gcagccaaaa cggttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagttctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccagggttg 600
gaactttgga agacagaggg ataagaaaaa taagtggaa aggaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
ttccaacctg ttctaataaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
aaaagaaaagc caaaaaagcc aagattaaag ttaaagttga agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaaca tctgtgaaga agaagaagaa aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga 1020
ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc 1080
tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaaa 1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catctcttag agtctttgat 1200
atacaaataa aattttcttt gtattttaaa acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1260
aa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1281 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

15 ggcggaagta gccgcaggca tggcgggcggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctgttg 60
 ctccctggggc ccggcgggctg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
 cttgtcatca ccccgctgcc ttccggggac gttagcgcca cattccagtt ccgcacgcgc 180
 tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tcccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
 gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
20 tggaggaccc gatactggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtgc agagctgtgg 360
 gtctggttcc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
 ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcatcgact ccaccaaac agtcactccc 480
 actgcctcct tcaaaccctt ggtcttgcc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
 gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25 ccctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
 agctaccact ccagggcagt gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
 atctcctggg agctgaggca gaccctgtca gttgtatttg atgccttcat cacggggcag 780
 ggaaagaaag actggctcct cttccggatg ttctccgaa ccctcacgga gccctgccc 840
 ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcaccacct acaaccagga caacgagaca 900
30 ttagagggtg acccaccctc gaccactaca tatcaggacg tcatcctagg cactcggaag 960
 acctatgcca tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
 atccagctca agtgggaagag acccccagag aatgaggccc cccagtgcc cttcctgcat1080
 gccagcgggt acgtgagtgg ctatgggctg cagaaggggg agctgagcac actgctgtac1140
 aacaccacc cataccgggc cttcccggtg ctgctgctgg acaccgtacc ctggtatctg1200
35 cggtgttac atccactacc agcctgccc .ggaccggctg caacccacc tcctggagat1260
 gctgattcag ctgccggcca a 1281

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:



## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

5 gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60  
 ggtaccaggc gccccagaac tctaaggggc ctcaagtagt ttaaacctc ggaggctgcc 120  
 tgacttgagg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgctg 180  
 10 gaaaaacttt ttctgccctc ggccagggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga 240  
 aggttggttc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt 300  
 agccctgtct cagcctctgg gctgttacgc aagttaattc ctgcacaaga ctcaaacag 360  
 ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc 420  
 tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcggggtat 480  
 15 ggaaacgccc cactctgggg cctggccttg ggaaggggag gcggcagggg ttctttgggc 540  
 ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccattttagt gcagtagtcc 600  
 gacacgtcgg gggactcaac tttacactgg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagaaa 660  
 attcatccac acaagagagt ggaggcatga acaggggtgg ccttcctcgg atctca 716

## 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

45 tttgttgttg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgccgccac caccagcgca 60  
 gagtccttga gctgtgagga gattcggggc gtcacctgc cccccctgcg tcccgccacc 120  
 ggccgcttct gtcctcggac ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180  
 agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcgaaact 240  
 ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300  
 caagcaagta gcggaggcat atgaagtgtc gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360  
 50 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg agggaggagt ggaagtcatt ttgacagtcc 420  
 atttgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480  
 aagggaacca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggaacttct ttgggaatcg 540  
 aagggttccc cgaggaagca gaagccgagg gacggggtcg tttttctctg cgttcagtgg 600  
 atttccgtct tttggaagtg gattttcttc ttttgataca ggatttactt catttgggtc 660  
 55 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggtg gtggcatggg 720  
 caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcactacaaa 780

5 gagaattgtc gagaacggtc aagaaagagt agaagttgaa gaagatggcc agttaaagtc 840  
 cttacaata aatggtgtgg ccgacgacga tgccctcgct gaggagcgca tgcggagagg 900  
 ccagaacgcc ctgccagccc agcctgccgg cctccgcccg ccgaagccgc cccggcctgc 960  
 ctgcctgtg agacacgccc ctcaactgtct ctctgaggag gagggcgagc aggaccgacc1020  
 tggggcaccg gggccctggg accccctcgg cgcccgagc aggattgaaa gaaggtggca1080  
 agaggaagaa gcagaagcag agagaggagt ttgaaggagg aaggaagttg gaccaaaggc1140  
 attgattaga ccggattttt 1160

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1040 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library  
 30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

35 agcatccgct tccggttccc agactgaatt gtcagtgagc ggagtctgag gtcgctgtgg 60  
 actgcccact gggccttgcc cgagatggac agccggattc cttatgatga ctaccggtg 120  
 gttttcttgc ctgcctatga gaatcctcca gcatggattc ctctcatga gaggttacac 180  
 caccgggact acaacaatga gttgacccag tttctgcccc gaaccatcac actgaagaag 240  
 cctcctggag ctgagttggg atttaacatc cgaggaggaa aggcctccca gctaggcatc 300  
 ttcatctcca aggtgattcc tgactctgat gcacatagag caggactgca ggaaggggac 360  
 caagttctag ctgtgaatga tgtggatttc caagatattg agcacagcaa ggctgttgag 420  
 40 atcctgaaga cagctcgtga aatcagcatg cgtgtgcgct tctttcccta caattatcat 480  
 cgccaaaag agaggactgt gactagaaa gttgcagccc acagcccttc atgtggactc 540  
 tgtcatgaca tgctaaactag acttcagggg agccacttct gttttcagcc cctccctgga 600  
 atagttagtt gggaggatgg ggagacagct aaccaactgc attaccaaa ccatattgca 660  
 cttttagttc cctagttttc taggtgagct tcattccctg aaaggaggat gatgatattc 720  
 45 aggcataacc tagcctgtga ggaacctagt taggaaagac aactgacatt tattgaatat 780  
 catgcactag tcccttacat atgtcatatt ttaattatag aaatcagtag caaaaagaat 840  
 cttggggatt ttccatctga cttccctggc catcttatcc catccttgca ctaccagaag 900  
 attcatacac ttttgagact ccagttagac gctgttttca ccccttcctc ctccatagcct 960  
 50 ctctcccaaa aagtaaaaca caatgctgaa gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg1020  
 gggccggccg gtgggtggtc 1040

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1336 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

20 cgagggacag aacctgggtgc aggaggagtt ggcggcccgcc gggacccagc ccccgctccat 60
 ccgcaacggc ctggacaaaag ccgcgagggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
 cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtccccg agggcacggc agccgagggc 180
 gctcccaggc aggaaaactg tgggtcccag cagggtccccg caggccgggc actagcacc 240
 ctcccagcag ccccggtgcgg acctgogggc ccctgacgga tgaggacgtg gtcagggtgc 300
25 ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaaact ttacctggcc cccctcacca 360
 cgtgtgggaa cctgcccttc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggat gtgacatgtg 420
 gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtgg gccctactca 480
 aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
 tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30 tcgctgccc catcgacctc gtgtacaaga aggttggggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
 ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
 tgaagatccg cacaggcgtc caggagcgtg tgaacctggc gcaccgctg ctgcccgagc 780
 tgccgggactg gggcggtggca ctcgtcacgg aaatggggac atcttgcac ttgaggatgc 840
 caaccgcgcc atgcagactg gtgtcaccgg gatcatgatt gcccggtggc cctgtctcaa 900
35 gccgtggctc ttacaggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
 cctggacatc ctgcgggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca1020
 gggcggtggag aagaccggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga1080
 tcccgtgggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcggccgc cctactacct1140
 gggccgcgac tacctggaga cgctgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcat1200
40 cagcgagatg ctcttgggc cagtgcctcc caccctgcct tcttgccgaa gcacaaggcc1260
 aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct gggcgagga gagtacaata1320
 aattttattc ttttaa 1336

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 812 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ggagcccaaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60  
cacggagctg gagtttgttc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120  
ctacaagctg tctgcacggg ccttcatcag ccggcacagc caggggcgga ggagagaaga180  
15 tgccctgtcc tcagaaggat gcctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240  
cagagccgca gtcttacgcc ccgcctcggc ccaccgaccg cctggccgtg cgcccttcgc300  
ccagcggagc gttttccacc gtggccagcc caatgtctcc tgcacgtgca actgcaaacc360  
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gttcagatca tcatcatcgt420  
ggtggtcacg tgcctgtgta gccactacaa gctgtctgca cggtccttca tcagccggca480  
20 cagccagggg cggaggagag aagatgccct gtcctcagaa ggatgcctgt ggcctcggga540  
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaggtc tacgccccgc ctcgcccac600  
cgaccgctg gccgtgccgc ccttcgcccc gccggagcgc ttccaccgct tccagcccac660  
ctatccgtac ctgcagcacg agatcgacct gccgccacc atctcgctgt cagacgggga720  
ggagcccca ccctaccagg gccctggac cttcaagggt cgggaccccg aggaggagtt780  
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc 812

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

50 gatgcttggg atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatattt atgagtgcct 60  
cccatccaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120  
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttggtgaagc atctcaacca 180  
gggcacagat gaggacatct acctgcttgg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240  
55 tcaactgctaa gcacaggctc ctcaactctt tccatcaggc attaaatgaa tggctctctg 300

```

gccacccag cctgggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtggtcagga aatcagggtcc 420
agccttcctt gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcatcct ccccgcttc cacttggtta gatgcaagg 540
5 ctatctctcc catcagggtt gccaaagctg ggctttgttt ttcccagcag aatgatgcca 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaaatttg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaaat tacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtggtaca ggggattgga aacatgctcc ggcctccag agaaaagttg ctcccgaggt 780
ccatgccctt ggaacgtgtt cctatcactc tggctggttg ggctggctct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggta 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagttg ctacggttca gtgagagagg cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgtcagtg gcactgggga ttggagaga gatgggcttg1020
ctctctctgt gcaccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg1080
ctttatagca caggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagca1140
15 gattacatct gagccgtttg aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat1200
ctacctgaac ttagagactc aagatatttt tttaggaaac ctctaccca tgtctgaggt1260
agcaagtgca gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctcc1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggttt acataccagt cccattcttc1380
cttttcaata aataccccc aatcttctcc taaccaccat taaagcattt tttgcttta1440
20 aagcatcctg accccaattt ctttagctc acgggccttt tgtgaagggt ctctcagggt1500
gtagtgtgtt ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag1560
aactgattct caccaggtgt gagaggtgtg gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgg gcagaggctg gccactgta gtttgacagac1680
atgctctcca gatggtttta ctaagtcctc tctccctgat agggaatcct gctggaccag1740
25 cgcagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga1800
gccaggattc ctgaccagag ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaagggt1860
atctaattgtt tgggtccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaaa1920
ccctcagctt atgtagctag aaaggccctt ggagtggaa agcctggatt ttcaaattga1980
tgctcccta ctgactagct gtgccactct gggcaaatgc tottcttga gcctgtttcc2040
30 acacctgtaa agtggggatg atgatectat ctactgctt ttgtgaggat tacaggaaag2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtaggtgctc agttcatgct ggtttccttc2160
ctgccttag tagggacctg ctctgtgctc acacctcggc tgcatgcacc ctgctgtgac2220
ggaggctagt gtggaagagg tcctgtcctc agggaattaa ctgtcttatt gggagacaac2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc2340
35 cctcctcctc ctgctctgca gctccaatct gattctgctt gggaaatggc ggagcacgtg2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttaccctc tctgggcca tgaattcctg2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg aactgagtg2520
cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac2580
tgggtagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaataatga2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtgtt gccggccatg t 2681

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60
gtcagtcatt caccctgcgc cccagagtga ctacgcccc acgtccccac ccatccccgg 120
10 ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180
ttcaggccac cccggccgga cgcctgccac ttgtgtcac tgtgccgctg tcatggcacg 240
ctccgggagt gccacgccac ctgcccgggc tccgggagcc cctccacgga gcccacccca 300
gaggctggta caggatgtca gtggggccct gagggagctg cgccttcggc tctgccacct 360
gcgaaaggga cctcagggtc atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccggcca 420
15 gtacatccgc tctgtggacc cgggctcacc tgccgcccgc tctggcctcc gcgcccagga 480
ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtgggtggc 540
cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccg gctgctgtgc gtggaccccg agacagatga 600
acacttcaag cggcttcggg tcacaccac cgaggagcac gtggaaggct cctctgccgtc 660
accgctcacc aatggaacca gccctgccc gctcaatggt ggctctgctg gctcgtcccg 720
20 aagtgcctg cctggttccg acaaggacac tgaggatggc agtgcctgga agcaagatcc 780
cttccaggag agcggcctcc acctgagccc caccggcgcc gaggccaagg agaaggctcg 840
agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aacaggaagc gtgaaatctt 900
cagcaacttc tgagcccctt cctgctgtgc tcgggaccct gggacccctc ccgcacggac 960
cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagtg gactggaggg tggctcctgcc1020
25 attgccaga aatcagcccc agccccggtg agcccccatc ctgcccctgc ccaccaggta1080
ctgggggctt gtggcagcaa gataggggga gagagaccca gagatgtgag agagagtcag1140
agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200
cgcgcgccag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260
aatttggtgt tttgcttttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa1320
30 taccagagac cccccccgct aaagcccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380
attgcaataa aacaaacctt tctctgc 1407

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

## 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```

cgaagaagcc ccgccccgtc ccgcttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
cctgccccat cgtagtatat gagctcgccct acacaaggac ccccgtctaaa agccagaagct 120
cccagtcctcc gaggtctgaa gacggggact cccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180
tggggcccca gccagatca .cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240
5 agaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
ggacgcgcgg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360
gcctggcgctc gggggaaggt gcgggggctg gccttcccgc tctggatctg gccaaagctc 420
aaaggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
10 aaggggacac ggccctaata acgcgccctt ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
gagtcgcgaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
cgacgtgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gttttctgta ggccctctcca 720
aatggaccac ccacagagga gctgagatcg tggcggaac gttccgggac ttccgctct 780
ccactgtgcc agtctcgggt ccctccacc tgcgcggtct ctgcgcatg gggggacctc 840
15 gcactgttgt ggcaggcagc agcagcgtg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtgc 900
tgacagatca cccatatgcc tccctgacct tcccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
ttcttcgtcc tgggttgect ggtgtgcccc ctctctcct gcaccgtgga ggtggggatc 1020
tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct 1080
20 gctcagaact ggagaaggct ggcgcggggc tcagctccct ctgcttggtg ctgagcacac 1140
gccccacag ctgagggcct ggcttgggg tactgctggc caggggtagg atagtatagg 1200
aagtagaagg ggaaggagg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag 1260
cctcaatatt gggggagggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc 1320
tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

acgtatagtc gggtcggctg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
50 atctcttatt tgagaagtgt ctggtgccct cattaggttt aattacaaaa tttgatcacg 120
atcatattgt agtctctcaa agtgctctag aaattgtcag tggtttacct gaagtggcca 180
tgggtgtctg gagcaccctg aaactgtatc aaagtgtgac atatttccaa acatttttaa 240
aatgaaaagg cactctcgtg ttctcctcac tctgtgcact ttgctgttgg tgtgacaagg 300
catttaaaaga tgtttctggc attttctttt tatgtgtaag gtggtggtaa ctatggttat 360
55 tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag tttgtaaaaa gaacaaaaaca 420
accgagacaa acccttgatg ctccctgctc ggcgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt 480
gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg 540

```

catccatttta gcttcaggtt gtcttggttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgccca600  
 tcttagctgt ggacaaagg gggtcagctg gcatgagaat atttttttt ttaagtgcgg660  
 tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720  
 agagtcaact catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaaccacga ttcgcaacgt780  
 5 tctgttattt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840  
 ttacattttt aaaa 854

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

tccagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtc tctgcaagca aaatctcaca 60  
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcgttatgg 120  
 aaccctaaca ggcgagctgc atatgattga actggagaaa ggtcatagtg gtttgggcct 180  
 35 aagtcttgct gggaacaaaag accgatccag gatgagtgct ttcatagtgg ggattgatcc 240  
 aaatggagct gcaggaaaag atgggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300  
 tgggtcagatt ttatatggaa gaagtcacat gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360  
 ttctaaaagt aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggcctgatg 420  
 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccttc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480  
 40 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540  
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg ggtttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600  
 acactcagtg gtagtcatcat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacggtatgga 660  
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720  
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780  
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttccct tcagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840  
 aagaacagct cccagtcctc gatgggtccca cagctctggct ccccgaaacc ggagtccatc 900  
 cgaaatacaa gcagatcatc aacaccagca atttttgctt ctgatcctgc aacctgcccc 960  
 attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag atttccaaag ggcgaacagg gctgggcctg1020  
 agcatcggtt ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080  
 50 gaaggagcag catgtaaaga tggaaagactc tgggctggag atcagatctt agaggtgaat1140  
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgccal200  
 cacagagtgct gcctgacact ctacagagat caggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260  
 gacaccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320  
 ggtaaaagaa acgatactgg agtatattgtg tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380  
 55 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440  
 aatgccaccc aagaagcggg tgccgtttgg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500  
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560



cgtttttcaa aggcagccca ggggtgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620  
cgtttttccc acttttttg ggatccccgt ttacattttg agtccactt ggggaagtta1680  
g 1681

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 852 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30 ggcaatttcc gttaggtgct gaaggctgtg gcgcgcggct gtccccattc ccacgtgaag 60  
cgctacgcta gcatcgctcg gctggcggct cccagctcgc cgcggagcag tcccggcagc120  
agcgggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180  
gcgcctcgga gcacggtgac ggcgccatgt ccctaattctg ctccatctct aacgaagtgc240  
cggagcaccc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcatcgaga300  
agtacattgc ggagaatggt accgaccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360  
35 tcatcgacat caaagtgtg cacccaatcc ggcccaagcc tccctcagcc accagcatcc420  
cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgctgcac agcttcactc480  
tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaaaga gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540  
cgcctgccgt gtcattgcc gtctcaccaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggagggc600  
ttgtgcaggg ttttgtaagc agtgatctag tttcattaaa aaaagaaaac aataaaaaag660  
40 ccctgcacaa ggcctacagc ccctctccct tcctgtcgtt caatggacgt ggtggtggct720  
gttcacaccc cttttgttg cagttcctgt gagacaggag aggctgagcc aagggaactg780  
tgaaggggat gggcaggagg gcttgtgcag ggttttgtaa gcagtgatct agtttcatta840  
aaaaaagaga ac 852

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1739 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

15 gaagcccgagg gcctggcgac ggcgacgcgg agcggagcgg cagcgacgcg gggcgatcgc 60
 ttcacggatg cggacgacgt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
 agtcccgta cgggtaacgc cttgtggaaa gcgatggaga agagctcgct cagcgacgac 180
 tcgtggcagt ccctgaagga ccgtacctc aagcacctgc ggggccagga gcataagtac 240
 ctgctggggg acgcgcgggt gagcccctcc tcccagaagc tcaagcggaa ggcggaggag 300
 gaccggagg ccgcggatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga ttgcctgaa 360
20 gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttg 420
 gaagccaccg gggagtttga ggaggttgtg gtggatgaga gccctcctga tttgaaata 480
 catataacta tgtgtgatga tgatccacc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
 gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gtttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
 aagatcattc ggcagttaat ggagaagttt aacttgatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25 ttcctaaaaa atagtgggta gctggaggct acttcgcct tcttagcgtc tggtcagaga 720
 gctgatggat atcccatttg gtcccgacaa gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
 gataccagag aggcatttgt caaaaaattt ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
 tttcgaaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaa aagtcattgg agtgagggtg 900
 gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagttctt gcattggaac tggcattat 960
30 tttctgacca tcgctgctgt tgctctgtga gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg 1020
 tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc 1080
 aatgtgttta tgaaaggaag atctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc 1140
 attgttgga tggaaccctt gctatagtag tgacaaagt aaaggaaatt taggaggcat 1200
 aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgccttttg cagaagctcc ttagattgg 1260
35 gatagattcc aataaaagaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gcctgaaca 1320
 cggattatcc ccaaaccctt gtcatttccc ccagtggagct ctgatttcta gactgcttg 1380
 aaaatgctgt attcattttg ctaacttagt atttgggtac cctgctctt ggctgttct 1440
 tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtctt ctttacctac ccctcagtt 1500
 tccttaaaac ggcacacaaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggttaatgt 1560
40 ttattttatt agtattgtt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtgattg 1620
 actccacttt gttgtgttgt tttcattgtt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa 1680
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaga 1739

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 805 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

10

15

20

25

```

ataggcgcac cccaaggtca gggcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
accaactgaa aaaaccggaa gggatggaag cagcggatca tctcgcgata tctggagcgt120
ctgcgcctgc cttcctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg180
gagcgcgggg gccggccgag aggaaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg240
gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaaccctgg300
taattgatgt ccaccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag360
ccacaggaag ggtactggtt ttggattagg aattgttttc tcacttacct tctttaaag420
aagaatgtgg ccattagcct tcggttctgg catgggatta ggaatggctt attccaactg480
tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaaa tatgtcaaag agcaggagca540
gtgacttcac ctgagaacat ccagcggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg600
aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct660
ttaaactcca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttggt ttgtattttc720
tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtcacaaa780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 805

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1483 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

50

55

```

tgaaaaagac ccaacgccaa cacctgggtgc cttttgcagc cagcgcgccac ccatccgtgc 60
cgggaccctt gggaatgcc gccgctccag aggaaaaagc ccagggaagg ggccctccgtt 120
gcgggggggc ggctgcttct tgggaacttt gtcgtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
tgtaaagcac tgaagccccc cggccgccaa cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240
cacagcagcc ttaccaccgc ctctacgtgt cccgggcact tcccgcagcc ttcccgtccc 300
tttctcatcg gcctttagt tgtacagtgc tgttggtttg aaaaggtgat gtgtggggag 360

```

tgcggctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420  
 accaatccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttattttggt gggacaatct 480  
 ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcatagacc acctgtgcct gtccccgcct 540  
 5 tggccccggt ggatgaagcg gcttccccgc agggcccca cttcccagtg gctgcttcc 600  
 ggggacccag ggcaccccg cacccttcagg cacgctcctc agctggtcac ctcccggtt 660  
 tgccgttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720  
 taggtgcgt cgggcatgct tggaagctgg cctgccagga ccttccaccc tggggcctgt 780  
 gtcagccgcc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840  
 cttcggtttt ccgagcacgg tgtttcccaa gaattctggg ctggcgccct ggtggcagtg 900  
 10 ctggagatga ccccgagccc ctcccgtgg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960  
 agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggggtcgtga tctggtgctc 1020  
 gtccacgcag gtgtgtggg taaacatgta tgtgtgtac agagagacgc gtgtggagag 1080  
 agccgcacac cagcgccacc caggaaagcg ggagcggtta ccagtgttt gtgtttattt 1140  
 ttaatcaaga cgtttccctt gtttccctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag 1200  
 15 gaccctcctt tgggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat 1260  
 tttaagatgc tttggagcag acagctttag ccgttcccaa tccttagcaa tgccttagct 1320  
 gggagcgata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataaga 1380  
 gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatgta 1440  
 attttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc 1483

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1347 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

45 tgaggctctc catgactgca agtggtatat tggactggat ggcatgaag tccctttcat 60  
 agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120  
 tgaccatcca gtccaatata acacttgtag acagagaaac tgaggctctc catgacttgc 180  
 ctagtctccc agctagtgtt aggcataaact ggattccac tctggtattc tttcttccct 240  
 ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300  
 50 tattcctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360  
 aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtccctgcc aacttatgtg 420  
 gcttcataaa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaatt tttagagcat taactcccta 480  
 attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540  
 tgtacttggt gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcagggtt tgaagtgtca 600  
 55 gcttcataag acactgaggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660  
 atggaaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720  
 ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

 tttcttgccct cctttgcttc atcttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840
 gtgtcatggt gctcattcac tgcaaaactcc cagttgcaag ctccttggct cccccggagg 900
 gagcaagaat ctcatagttc agagacacag agggcctttt agccctaagt accttttggg 960
 tgggactgca actcatgact atcctgatat tggaagaaag gactttgtta atcttctccc1020
5 ccatagtctc gctgcgtagg tctacatctt actcagaatc actacacatt cctttagtct1080
 tcctccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac1140
 acaatgagat gaagacaata tagaagtccg catagtcatc ataatcccgt tccttggccg1200
 gttgaggcag ctcatgggct gagcccagtc aagccaaccc gcagcttcac tcacgacttc1260
 aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgtc tgagtggaaa1320
10 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaat
 1347

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

```

35 aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60
 gccttcctct ccggttctgg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgtc tttgacatcg 120
 acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcatcgc gcaggccttc atcgacgcct 180
 gctccatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagctc ctctacgcca 240
40 aggagattcc tgagtaccgg aagatcgtgc agcgctacta caagcagatc caggacatga 300
 cgccgctcag cgagcaagag atgaatgccc atctggccga ggagtcgagg aaataccaga 360
 atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agatttataa gtacgccaaag aggtatcggc 420
 cgcagatcat ggccgcgctg gaggccaacc ccacggcccg gaggacacaa ctgcagcaca 480
 agtttgagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgtctac agtgaggcct 540
45 gagacacatg gagagttggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgcccc ctgggcctca 600
 acttgatctt ctaccccgctg cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660
 gggcgggggc aggaggagg gctgctctct gagacagggg cgcccccgcc ttgacccttg 720
 ggcacctcca tccccctcca cctgtcccca gatcagtcctc tgggatggag gccagagagc 780
 tggtcaggct ccccatctct cccagcacgg cctgcactgt gccacccac ttgctccaca 840
50 acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcaccca ggcggccaag cacaaactgg 900
 gggagaggag gccgccagcc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacatgg 960
 tgcaggagc cctccttgaa ctgacctttg atttggttct gcttcaacta ccaaaatgtt1020
 atctccactt cccccctacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca1080
 gatttttgtt gcttgggagg ctgttggtag agtgggcagt gcccgcgcca tggggtgtct1140
55 tgtgggcttc tccaggagca gggagggtgg aggggaggga tggggggcac aggagctggg1200
 agccccgtct ccaggaaaag gagaggggtt aagatgcacc gaggctgtag ctgggctact1260
 tgatcttgct gaaagtgttt ctaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata1320

```

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccgc ttgctgcagag gacccgggga1380  
 ggggtcccga gaggctcccc atgcaact ggaatgact gttccagaga gcgggcagac1440  
 ctggcagagc gccctggcg cctgagacta ccaccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500  
 5 ctctgtggcc gatgggcat gcggggccct cgcagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560  
 ctcagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaaatctt tttataataa1620  
 aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680  
 ggg 1683

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60  
 atcggacttc gacgcccgtt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120  
 35 tccaggcttt gtcatggcgg ctgctgctgc acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180  
 gactgggatc ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaact tcacggccgg 240  
 aggacagccg cggcgcgagg aggcagtga cgcctgtgt tggggcaccg gcggcgagac 300  
 ccagatgctg tggggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360  
 attccagggt cagagacact gcccgggcgg ggaggcagtg ttccgtggcc tcgcccaggc 420  
 40 cgacggcacc ctcatcacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480  
 caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540  
 gcgccaagac ccagcacacc cccatgtggt tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600  
 gatatgggac ctgcagggct ctgaggaacc tgtgttcagg gccaaagacg tgcggaatga 660  
 ctggctggac ttgcgggttc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720  
 45 gaagcttgct acctgcacag ggtaccacca ggtccgtggt tatgatccag catccccca 780  
 gcgcccggca gtccatagaga ccacctatgg agagtacca ctaacagcca tgacctcac 840  
 tccgggaggc aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900  
 tcggcaaggg cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggcagtgtgc gtgggttgca 960  
 gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggatata1020  
 50 caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg1080  
 cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaacccaal140  
 caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaactttgg gcatccttgg aggcagtgc1200  
 caagcggaag ctctcggtt tggagcagcc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa1260  
 gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gccactttg taaataaact1320  
 55 gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg 1355

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1816 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

25 ggctcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttcctga gctaaacatg gtgcaggctc 60
 gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
 gttcagatca acataaagcc taacttgctg gagttgtagt ctcaaggett tctctcttgc 180
 ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtagcaatta tatggttact atccactgca 240
 gtcctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcacccaca gaaattaact 300
 tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt ggcatagctg tctagaacac catctctagg 360
30 aaaatttaat tctgtccctg gccagctatt gttcttccac ttcgttttct gctgtcccaa 420
 ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
 caggataaacc catgtttctc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgcgtgacaac 540
 catgcagagg aatttttcca cttaagtcag agccttcctc cccatctgga attcacagct 600
 gttccctggc agcacacagg agggatttaa ggaccttctg gaggctaggt acactgtcca 660
35 cacctctttg ggggaagtac gatttttttt ttccatcata attcagttct ttcttattct 720
 acagtgtgca ctttatgcct ctgccttttt gataatagtt gttcagtga ggaagtcagc 780
 tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgcagtaga actgttaggg cggccttccc 840
 atttacttta ggtttcaaga ggattcaccg gaagcacatg ccccggtcta gtcccatttg 900
 aaacagttct gctttactga gaccttaggc cgggtctcctt gctgacccta gcgctgctgc 960
40 ctaggtgcc a tttcctttcc tctcagtc aatacaggct gcacattttg tcacttaatg1020
 ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgaggagg1080
 aagacactga gaagccagtg atctgcaagc atttgctctt gtttccacat cacctctggg1140
 atatttcagc tgttgtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagttt1200
 tgttctgcac tcccacgact gaagttgtag attgagctga ataaccatgg gaagtgaac1260
45 agcaaagaca ctcgattgga gtcagttgaa tatttgtacc ctcaagtggag cccttctggt1320
 cttttcttcc acttctgcag aatttctctt agcaaatact tctttctcct tgcttgccct1380
 caccatgata tttgaataag agatggccag aggataacac ttgtctctta aaaactaagc1440
 taaaaagaac ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc1500
 aagcaaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag1560
50 gggcatcatt atccggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactggtt tttttaggac1620
 ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaaaggat gcagtgcccc aacttgtact1680
 gcgcctgaat agtcatgtga taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aatttttttct1740
 ataaaaagttt acattgtatt gtaggttaac attaaatggt ttatagcaaa aacttcaaaa1800
 aaaaaaaaaa aaaaaa

```

1816

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```

tttagaattc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgcccgg 60
cttcacacccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
25 ctcctctgat actgtgcccc cttggagata tttccgtcct ccaccacgt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgtcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtgggcgggg360
gaggggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccg acgtgtttg420
30 ctgccttcac cacatattag tgcttgaccc tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcccc540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagataggtt660
agttaaggcg gccgaaagtt tttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttggggttg720
35 gccttcggtt ttaagaacgt 740

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:



## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctggttcagc gcttttagga gggcggtca ggcgccccg agcaggcaga 60
gtgctgtag ctgctgctgg ccctgggcca gctgcgag gagctgtgc aggagttcct 120
ggcgacagcc cgcggccggc tggagaagga gctgagaaac ctggaggcc agctggggcc 180
10 ctacactccg gctcccagc tgttagagtt caccgacat ggaggcagt gcttcgtggg 240
cggcctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcgccct tcgcccggca gctgggcagc cgctattttg cgctgggtgga 360
gcggcggtcg gcgcaggagc aggggtggtg tgacaactca ctgctggtgc gggcgctgga 420
ccgcttcac cggcgcttgc gggtcccg ggccctgctg gccgctgcc ggctcgaga 480
15 cgctgccacg gagatcgtgg aacgagtgcc ccgcgagcgc ctgggccacc acctgcaggg 540
tctccggcg gccttcctgg gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggctggg aaggagggcc ctggcctggc cgagttgctg gccaatgtgg ccagctccat 660
cctgagccac attagggcct ctctggcagc agtgacactt ttcaccgcca aagaggtgtc 720
ctctccaaac aagccctact tccggggtga gttctgcagt cagggtgtcc gtgaggcct 780
20 catcgtgggc ttctccact ctatgtgcca gacggctcag agcttctgcg acagccctgg 840
ggagaagggg ggtgccacac cacctgccct gctcctgctg ctctcccgcc tctgctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccaggg aaacggcgcg 1020
gcggctgctg acccactacg tgaagggtgca gggcctggtc atatcacaga tgctgcgca 1080
25 gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat 1140
gaagcgggtg gtggaggata ccaccgcat cgactgcag gtggggctcc tgtacgaaga 1200
gggtgttcgc aaggcccaga gcagcgactc cagcaaggag actttctccg tgtacagcag 1260
ctctcgccag caggggcgct acgccccag ctatacccc agtgccccga tggacacca 1320
cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga 1380
30 gtccaacaag gtgtcggtgc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgctgtgtgg 1440
gagtggtgct gggctgcgaa cctttttggc ctttgcggg cttcaacaag ggg 1493

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

## 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 250 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

5 ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcggtgtg gaggggccag tggggcttgg 60  
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggt ggtttcttgc ctgcctatga120  
 gaatcctcca gcatggaatc ctcctcatga gagggtacac agccggacta caacgatgag180  
 ttgaccaggt ttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcctggagtc attgggatta240  
 agatcgaggg 250

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tcgggggggag cggcgcgggcg gcgcggggagt tggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60  
 cgctcaggcag caagcgactt gggccatggc ctctgacctt gacttctcac ctccggagggt 120  
 gcccgagccc actttcctgg agaacctgct acggtagcga ctcttctctg gagccatctt 180  
 ccagctcatc tgtgtgctgg ccatcatcgt acccattccc aagtcaccag aggcggaggc 240  
 35 tgaaccgtct gagcccagaa gtgctgagggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300  
 tgtgaacaag agggccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggcctgagga 360  
 gctgggcggg caggagagagg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420  
 cccgcattcc aggtccaggg tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480  
 acagtcgtaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttcctct tccttctgct 540  
 40 tctgtgacgg tttagagtca agggggtga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600  
 ttgttcagaa gccgggtcag ctcacagagt cacatcttct tgcttagtca tgtgtccctc 660  
 ctgaggttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gaggcatgtg ctaatgctga 720  
 caagcacacc ctctcccatt atttgtgcac tacagatctc ctgctgatca gtcacctttg 780  
 ttgctgctgt gtagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggac 840  
 45 atgcagcgtt agtgatccca ctagctgtga cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900  
 agccagcaga cagccaggcc agggtaggca agtgccctgct tctgctccat cagggtcagg 960  
 ggatttggtc gaaggcgtgc atatttcctg ggacaaaact tcctgagcct ctgaaatggg1020  
 aggctcgtca atttcagacc aacctctttt caaccatca tagcacgttc aagggtgtgcc1080  
 ttttacttct acctgtacat ccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtgaag1140  
 50 gggttcctgg gggaagtatg gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa1200  
 aa 1202

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

20 cccttttttt ttctttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agttagcatt 60  
 ttcttttaac aagactttct aatgctaaac aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120  
 ttgggttggt gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tggttttaa gcaaaagaga 180  
 tcctgacatg tgaaccaat acacaaaaat gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240  
 25 ttaaaaaaaa aattcttctg ctcttatatt ttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300  
 gatttcactt agaaatgggt actttctgag atgcttttct ctcacagaat ctgtagataa 360  
 actcattaaa agattgtccc atttcaaaat caccaccaag tctagcagca ctgttttttt 420  
 tttttttagt tttgttttta aaattacaaa ccaagtaaga agtccaacat cctcttccat 480  
 gaacagcttt gtgacagagc tcctgagtggt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540  
 30 ctctgcagct ccagtggtgtc ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600  
 ctgtaccccc tggaaacttg acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660  
 ctcttcggg actggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagttctct ttgaaatttc 720  
 tgatcttgag cagcatattc agaaagttca gattccaccg ccggaggagg aatgtttgga 780  
 ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaaccact ctggtctgag ggtatacagg 840  
 35 cctttcacia tatttgccat agttgaagg gtgacctgaa atggtgttga ctgggcttct 900  
 aaaagtaag gcattaggcc gtaaatgtgc tttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960  
 ataagggcac cttaagccc gggtaaagctg gtccatggga acctatcggt ttg 1014

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1171 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```

10 caccaaatta atcagggttta cagacagggt cccaccggta ttcacattct tgttagtgat 60
 cagatgggttc agaattttca agatgagagt tgttttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
 agtagtgatg gcatccacat aattttgaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
 gtaccaaata gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
 attttaccat atgaaatggt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
 tgagagggtga atctcctcac tgtcactgcc atagccaagc atcctcatga gagtggagcac 360
15 atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacgggtgca ggcatagctg cctgctgctc 420
 tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
 gcggtttgga aatgaatgta gaaacttact gtgggcattt acctttctgt gccagtttg 540
 cttttattgc ctgaacctta tgctgacctg gagaggagat gggggacagt gctgttggtg 600
 ggccagcagt gaatctgtat gcggagagtt gtgttggtct gatgtggccg ttggtgggtca 660
20 ggtaagaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgtacg tttgatatga 720
 tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
 aggagtacct tggtagagag atcagtgtaa atcctaatag gtacaaagac ttttgtgttt 840
 tggctttgtc acagatttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
 agtttctggt tttcattttt ggagattcct tgccttttaa actcgtggtt tttctctcat 960
25 tttcttccct ctctccctcc atctctgacc acccccaccc taacccccca cccccaccat1020
 cctattaaac atttttaaag ccctacccca gacattggga aataggtgga cccaagtagg1080
 gggggaggaa agtattgatt tgtttggata ggcttggtga ttaggggtgtt aaggggttct1140
 tggattatgg aacaaggtgg aatttttttt g 1171

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

55 ggccggggacg caggggcaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgcctgggga 60
 ggctgtgcgc cgggagctcg ggggtgctgg gggccgggc cgccctctct cggagttggc120
 aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagtccag agaggtggat cgcagtggtc180

```

ccacgccccat cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240  
agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagagggt cccagaacga gaggccttgg300  
tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgcccaact caaggaggag tgg 353

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 205 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggctgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcgggcg gctggcggtc cgctggcgcc 60  
caggagttag ggatgtccta caaacccatg cgcccctggc tgcccagcag caccacctgg120  
tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180  
tgcgccgtgc ggggctgcag tgtcc 205

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 211 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tgtttctatt gttaaacaac acacaactat 60  
 tttatttatg tgttttatgt atgcctgac accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120  
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180  
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 867 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

35 gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaagggt 60  
 tgtgcaagtc agggcccttct ggaacacagc agggcctaca acgaggggcc ttgcgatgg120  
 gctgtgagga tgggggtggt gggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccacccca180  
 catggtgagt gctctgtgcc tcctgtcac ctgtggtgag tgggagagct gggcgagctg240  
 ggagagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaacaa300  
 aaatattatt tctatgtaat ttatatttta cttatgccaa attatttatg ataatttgcc360  
 40 attgctatac tgtaccagtg tcaaatgctg cagcctgcc aagctgtgatt ttgtgaggct420  
 tgtccctatg taggatgcac cgcaggcccc tggccactga aagagtgtgc agtgaggctgt480  
 gggctctcca tatgcggtgc cgcccaaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540  
 ttttactcat tggaaatggtt ttcccagatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600  
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcatc cccacatgg gcttttcgat660  
 45 catcttcagg cctgaagctg cagcagctga agttcgctg catttatcag ccctctttgt720  
 gctgctcctt gccaccttg ggttctgct ggggaccatg tgtggttgtg gcatgtgtga780  
 gcagaaggga ggatgaggaa aaaagagaag gaaacccccg ttagtgacaa gtgttttttt840  
 gagttgccag gttttgccat cattaac 867

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 257 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

20

```
aattcagact cccattctta acttggcatt ttgttagctt acaggaacca gcttggtgta 60
ccctctctta tgagatgcag ctggaagcc atttatgcaa gaggtgggtt cacttttgtc120
gctcctccat tcattgacct ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaa ttagtagcaa180
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataatgaaa gtagcaagta gtcattatt240
tatgaagagt aataatt 257
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50

```
gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttggtgg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaagggc tgggtggcacg gcacccgcgt gagctacgcg tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca 204
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 245 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

25 ttgcaccatg gtaaactgtg ataatacagt atcatTTTTT agcagTTTTT taaatgtaaa 60  
tctgtatctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120  
cccatttccc tttgtaatca gaggaattct gtttcaagat tattgttgtg tgtgatctgt180  
ggctcttgat cagaatgaag ttaaatggcc acaggaggat taagctatga ggttggcatt240  
tttca 245

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5 ggggagggac gagtatgga ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
 gctccctggg caccaagtc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
 tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
 atccccctctg gagggaaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
 ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
 gtgatttccc ttaggcccag gacttgggccc tccagctcat ctgttccttc tgggcccatt 360
 catggcagggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
 tacttggtac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
 gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
 attaggaagt cgggggtggg tgggtggtgg gggctagttg gggttgaatt taggggccga 660
 tgagcttggg tacgtgagca ggggtttaag ttagggtctg cctgtatttc tggccccctt 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatatcg tgcccagaaa 780
 agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgccctgg 840
 gccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttgggtggc 900
 tgtgattcag gtcccagggt gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
 gagttggctg gtagagcctt cttagaggttc agaataatag cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
 tgagggacag tttgggtttg ggacttacca gggatgatgt agatctgga cccccaagt 1140
 aggctggagg gagttaagg cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttgggaat 1200
 aaagagtgc cttagagggt tccttgggccc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
 gaagggtgct ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgctg 1320
25 ctgggtccct ttagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
 tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccaggga 1440
 actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccagg ccagcgccctg gctgttctct 1500
 cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
 cctcttgct cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttctg cattcatctg 1620
30 caaaaaaaaa aattttc 1637

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

55 aaaagcatag ctcaactctgt aataggctat tttcatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
 acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgctg actctcaaga aattcaaagg agacctggcc 120

```

tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggt180  
 ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt ttatgaagat240  
 gagtttaatc ttttgtgatg 260

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 957 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

30 ggggaatttg tctttggaaa gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataca agaattctagg 60  
 aaacttacc catgtgcagc tcttgccaga gtttagtaca gcaaatgctg gcttactgtal20  
 tgacttccag ctcattaatg ttgaagattt tcaaggagtg ggagaatctg aacctaatcc180  
 ttactttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240  
 ttactttggt taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300  
 tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagaccaa360  
 35 caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420  
 ggtacgaacc agggcagtg gccatctgag ggatgtccgt cgcttggtag tggccatgtc480  
 tagagccaga cttggacttt atatcttcgc cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540  
 actgactcca gctttcagtc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600  
 agaactttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaataat660  
 40 aaaaaatatg cccagatgg caaactttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720  
 tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggtag aagaggggtga780  
 ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840  
 tgacatcata cccagtccaa cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cctttgagcg900  
 45 tgagagccgc cccggtggg aaggggcaat tgcgttggg gggcttgggt gtttttt 957

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 760 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

15 gtggaataca atagatatta atttgtggtt gggttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60  
ttatgtttct gggttccttt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120  
aatcagcagt tggtcttcaa gttcctgaaa gctataaaaag tttctcatga cttgagtgg180  
tttttccttg ccaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240  
cctacaaaaa ctgaaaccat cagctcctct ttaacaagt ggctttttaa aagcacgtaa300  
20 ttacaattta atggtattct gtaaagtgg gctctaggca taatttaa tctttttaat360  
gactatattt cttcaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgctgca tcctttgtaa420  
gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg ttccatttcc480  
acaaagatga gaacaaatca tgggtttagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540  
aaagcccttg gtggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600  
25 ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaat gaaaggctga aaatccaggc660  
tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccaccta720  
aataaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaata tatctgtgct tcacaacttg 60  
cctactctct ctgacccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120

```

tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180
ctcctcttct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240
gtttttttat gtgctgctca cactttatac acatgtatag 280

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 461 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

30 ggggccgctc gagggaagca cccgccggtt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60  
 gggaaaaccc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcacccc120  
 cacaagaagc cttatcctac gtccctctct ccatctatcg gaccccagtt tccatcacta180  
 tctccagaga ttagctatt atgcgcccgt ctacaggggg tgcccgacga tgacggtgcc240  
 ttcgcagtca aattactctt cgggtcccaa gggttggtt tcacgcgctc cattgccccg300  
 gcgtggcagg ccattccaag cccttccggg ctggaactgg tgcggagga gcctcgggtg360  
 35 tatcgtacgc cctggtgttg gtgttgctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420  
 cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 436 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

```

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60
 tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagagggtt tgagcttctg gagaagagga120
 aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa ccttggcggc180
 caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaatatt tcataagggt240
 tottagaatg gagccagggt gacatcacag ccccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300
 caaataagcc aacatttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagagttaa cataagggtca360
15 gaaaatcttc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420
 ccagtttggg caaaaaa 436

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

```

 ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggtg ttttatacac 60
 gtataaatgg tataccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgac aggtgacgta120
 tgtacagaaa gtcactgtgg cctgagttaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180
45 ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240
 gggatttaaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

ggcgacgcct cggtagtgac ctctgcagag ccgggtggag cccattgacg tccagcgaac 60  
gaggagcagc gatggacggg cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120  
20 ggcctgcgac gcgtcgctgg aggaaccgga ttccctttcc cgagacggtt gacggcgata180  
ccgaccgact cccggagttc atcgtgcaga cgggtcccta catgttcgtg gacgagaaca240  
cgttctccag cgacgccttg aaggtgacgt tcctcatcac ccgcctcaca gggcccgccc300  
tgcatggggg gatcccctac atcaagaagg agagccccct cctcaatgat taccgggggt360  
ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc taggccggga420  
25 gaccctcggg cctgggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgcccgc480  
agggtcgcca ccggcgccct cctccgcga gtccctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540  
cctgcggtg ctggt 555

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

agtgagaaag cagggactct tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60  
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagt ggaagctaata catcaaagct caacttgggg 180
aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
tgatgcaacg agttttcaga ggaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
aagatgaaga tggagatctt ataacaattt ttgatagttc tgacctttcc ttgcaattc 360
5 agtgcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
caagtcaggt gaaatatctc cgtcgagaac tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcgtt 480
tattggatag cttggaacca cctggagaac caggacottc caccaatatt cctgaaaatg 540
atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atcctttaaa aaaccaagat gaaatcaata 660
10 aaaatgttat gtcagcgttt ggcttaacag atgatcaggt ttcaggggcca cccagtgtctc 720
ctgcagaaga tcgttcagga acacccgaca gcattgtctc ctctctctca gcagtcacc 780
caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcagtcaga 840
ttgaaggcca gatgtacca cagtaccagc aacaggccgg ctatggtgca cagcagccgc 900
aggctccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttcagcaagc tatagtcagc 960
15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgctttttct ggtcagcctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080
accaggcgag caattatcct gcacaaactt aacttgccca aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tcttgctctc caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
caagaccagg ttttacttca cttcctggaa gtaccatgac ccctcctcca agtgggccta 1260
20 atccttatgc gcgtaaccgt cctccctttg gtcaggggta taccacacct ggacctgtt 1320
atcgataagg aggtcctctc acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aatttaaaag cagagcatt 1440
tttatgatat cattgttggg gttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaaa 1500
atgaaagttt ttctctccct gcttaaaaaa gtagcagctt cttagtactt ttggaacact 1560
25 actcttacat gtataaagtg attgacttga cttctagct tcccttgctc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
aaagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaca 1790

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

ctcgagccga atcggtctga ggcgagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
55 agcttggggc aggttcttgc ctttcttaat gttagagaca gctaccggaa ggaggggaac 120
aaggagttct cttccgcagc ccctttcccc acgcccaccc ccagtctcca gggacccttg 180
cctgcctcct aggtcggaag ccattggtccc gaagtgtagg gcaagggtgc ctcaggacct 240

```

```

tttggctcttc agcctccctc agcccccagg atctggggtta ggtggccgct cctccctgct 300
cctcatggga agatgtctca gagccttcca tgacctcccc tccccagccc aatgccaaagt 360
ggacttgagg ctgcacaaaag tcagcaggga ccactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
ggcaggagca tgtatgtctg cagggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
5 gatggggcgg ggggtgtctc gtagggtgtct ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
gggtatgaag agctgtcttc ccctgagagt ttctcagaa ccacagtgga gaggggagg 600
ctcctggggc agagaagttc cttaggtttt ctttggaaatg aaattcctcc ttcccccat 660
ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgagtg tgaggggtgg aaggtaaag 720
gttgtgtgtg agttggggct gccatagggt ctgcagcctg ctggggctaa gcggtggagg 780
10 aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccatctctgt ctggggctac agaatagggt 840
ggcagaagtg tcacctgtg ggtgtctccc tcgggggctc ttccccatga cctccccctc 900
acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggggtccca gggtgcata actggaagca 960
cagcctcgga gatggggagg gaaagacggt gctatatcca gttcctgtct tctgctcatg 1020
ggtggctgtg acaaccctgg cctcacttga ttcatctctg gttttcttgc caccctctgg 1080
15 gagtccccat ccatttttca tctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctctgtccc 1140
ttggcacact tgtaccaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaaca 1200
tcagtcatca tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttggggat gtttgcccc 1260
aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgacca tcccttttcc 1320
ttctggccc cagcctagggt ggaggcaagt ggaatatctt atattgggcg atttggggc 1380
20 tcggggaggc agagaatctc ttgggagctc tgggtggcgc tggtgcattc tgttccctct 1440
tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaaggcca gggacacatc cccttagagg 1500
acctgagttt gggagagtgg tgagtgaag ggaggagcag caagaagcag cctgttttca 1560
ctcagcttaa ttctccttc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc 1620
tccctctact cttctgtcc taaaaatagg ggccgttttc ttacacaccc ccagagagag 1680
25 gagggactgt cacactggtg ctgagtgacc gggggctgct gggcgtctgt tctttacca 1740
aaccatccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc 1800
cctggtcttc tctacagttc acagaggtct ttcagtcct ttaatccag gaaagaggca 1860
tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac aagaagccca 1920
gtggtgagga aagtgcgttc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc 1980
30 cagggaaaat gactttattg cttaatttct gcctttcccc cctcacacat gcacttttgg 2040
gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat ttaaaaagaa 2100
acagaaatga ccacgtgaaa tttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat 2160
gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttatat ggggtgtgtg tctcattttg 2220
gtctgttttg gtccctccc tcgtgggctt gtgctcgga ccaaagagaa aaacgttttg 2280
35 ggggcttgta atttatctg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg 2340
tgggggggta aaataaa
2357

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

### 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 907 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

5 gttcattgtc tggcaccaag ctccttgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60  
 ccaggtcctt cttcctgggt actcataacg cggccccatt tctcactccc attgggcgctc 120  
 gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac 180  
 cccgcgggac tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc 240  
 ctctgtctgc tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcggtgga gtgcggggtc 300  
 cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggcccg cccggtgggg gcgcaggact 360  
 10 caggggagccg cgcccgagg aggtctctggc gggtctcagc ccctcctcgc ccccaggctc 420  
 ccaactcctt aggtatttca gcaccgtgt gtcgcggccc ggccgcgggg agccccgcta 480  
 catgcgcgtg gactacgtag acgacacgca attcctgcgg ttcgacagcg acgcccgcga 540  
 tccgaggatg gagccgcggg agcgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt 600  
 gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgt 660  
 15 ccgcccgtac aaccagagcg aggtggtga gtgaaccgg ccggggggcg aggtcacgag 720  
 cccccccat ccgacacgg accgcccgg tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc 780  
 ccgagggagg ggaggcgtt gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcaggttc 840  
 attttcagtt taggccaaaa tccccgcggg ttgggcgggg atgggggggg gttaggtggg 900  
 cgggggtt 907

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

45 aggaggcgtg gggggggggg cgggggagtc agggaagagc accatcgta agcagatgaa 60  
 gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccgg cagtaccgg cggttgtcta 120  
 cagcaacacc atccagtcca tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcagatcga 180  
 ctttgcggac cctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgcaactgt cctgcaccgc 240  
 cgaggagcaa ggctgtctcc ctgatgacct gtccggcgct atccggaggc tctgggctga 300  
 50 ccatggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360  
 ctactacctg aacgacctgg agcgtattgc acagagtac tacatcccca cacagcaaga 420  
 tgtgctacgg acccgcgtaa agaccacggg gatcgtggag acacacttca ccttcaagga 480  
 cctacacttc aagatgtttg atgtgggttg tcagcggctc gagcggaaga agtggatcca 540  
 ctgctttgag ggctgcacag ccatcatctt ctgcgtagct tgagcgcta tgacttggtg 600  
 55 ctagctgagg acgaggagat gaaccgatg catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660  
 tgcaacaaca agtggttcac agacacgtcc atcatcctc tcctcaacaa gaaggacctg 720  
 tttgaggaga agatcacaca cagtcccctg accatctgct tccctgagta cacaggggcc 780

```

aacaatatg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca aggagatcta cacgcacttc acgtgcgcca ccgacaccaa gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgccgtcac ccatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcggcctc 960
ttctgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac cccccaaccc1020
5 ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg tcccccgcc gcttttctcc1080
tctttcctct ctttgttctc agctccccct gtccctcag ctccagacgt aggggagggg1140
ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc cttgtctga gatgctggtg atggccatgg1200
taccctcttc tgggcatctg ttctggtttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggga1260
ggggggcaca tgctgagtct cccaaggctg cgtctggagg ggccctgct tctccagcct1320
10 ggacccccag ctttgcccaa caccagcccc tgcccagcc caagtccaaa tgtttacagg1380
gagcctcctg cccagtcccc caacccagc cgctcggagg ccccaaagga aaaagcacaal440
gaagcgtgag acgccaccat tcctggaaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt1500
ttaaaaaaat gaaagtaaa gaaaaaaa aaactgcaa tctagaaaac tttttagaga1560
aaaactatct aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc cccccagccc cccttccaa1620
15 tgactccgtg ccttgagtgt gtctgcgtgt ttacaccggt ccctctgctg gccgcccccg1680
tgcgagcggc acccctgcc tgccctccac agaattgggt tccaagggt gttccagaca1740
actgccaacg tactgaggg ccctgcccc gcgccctgg cccaggtc tattaacctal800
aatgtagct ccctagcgt aacctaggaa ccgcgctgc ctgctgggg gccacgcccc1860
tcatgccctt gtcccaggcc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc tttttcacal1920
20 tgttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaaa1980
aaaaaaa
1987

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

### 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttccccaagt tttccatgcc caagatcggc atcccagggtg 60
tgaaaatggg ggggtgggga gccgaggtcc atgccagct accctctctt gaaggagact 120
tgagaggacc agatgttaag ctogaagggc ccgatgtttc tctaaagggg ccaggagtag 180
50 acttgccctc agtgaacctc tctatgccaa aagtctctgg gcctgacctt gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcatctgt tcccagcatg aagggtgcatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcgggt gcaaaatgca ggtgggagga gacggtgtga 360
aagtgccagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggcaccagat gtgacactga 420
ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctggtga catcaaatgc cctaaagtat 480
55 ccgtaggagc tcctgatcta agcttggagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cggggtccga cttgcacgtc aatgccaaag 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc caggtgtgga tgtgaacctg aaagggcctc 660

```

```

5 ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tggaaggacc aaaagtgaag gggagccttg 720
 gggccactgg tgagatcaaa ggccccactg tcggaggagg tcttccaggc attgtgttcc 780
 aaggcctaga aggaacacct cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
 tgcaggcgtg gaatgtgaaa ctcccaactg ggcagatttc tgggcctgaa atcaaagggtg 900
10 gtctgaaagg ttcagaagta ggtttccatg gggctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
 ctgcctttaa tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaa1020
 tcaaaggagg tgcggatggt tcagggggtg tcagtgcacc agacatcagc cttggtgaag1080
 ggcatttgag tgttaaagggt tccgggggtg agtgaagggt accccaagtc tcctctgctc1140
 tcaacttgga cacatctaag tttgctgggg gccttcattt ctcaggacca aaggtggaag1200
15 gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggcctcctg gctgagtgtg tctgggcctc1260
 aaggtcactt ggaagtggga tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccaaat1320
 ttaccttctc tggccgtgag ctggttgga gagaaatggg ggtggatgtt cacttcctal1380
 aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtc1440
 aactgaaaaa gtccaagatc aaaatgcccc agtttaattt ttccaaacct aaagggaag1500
20 gtggtgtcac tggctcacca gaagcatcaa tttctgggtc caaaggtgac ctgaaaagt1560
 caaaggccag cctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaag1620
 gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cacggcaccg ctcaaattca ttcagtgat1680
 aaagagagtt ctctggacct tccacccgga cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
 tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtaccttg1800
25 gtggattggg gtcaaagagc aaaggtcatt atgagtgac tgggagcgat gatgagacag1860
 gcaagttaaa ggggagtggt gtgtccctgg cctctaagaa gtcccgactg tctcctctt1920
 ctacgaatga cagtgggaat aaggttgga tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagtt1980
 ccacaaagaa agagtagcag gcctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgt2040
 ctatataaac tccaaaggga aacacaccga ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttgc2100
30 tggcccggtg gcaagcgctg aaaaaccgac cgctgtagg ctctggaac tatacagata2160
 ggtaaagagt tccaagttcg tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
 ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
 ttgtgtttat taccctcatt tttactgaa attgttagtt ttggggtaat ggaaaccac2340
 tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggttg2400
35 cagacggagg tcaggtcttc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaca gcaaacgcc2460
 acagatggcc cagaggtggt ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttctttagt2520
 ttgtttcttt caccagggg tgggtggtccc agccagtttg gtgctgacgg tgagaggaaa2580
 ttagaatctg tttgcaaatt gtccaacca cccctcaac atgaggggct tccattttct2640
 gtgttttgta agggaactgt ttccttcag ccgcatgtt cctgatatta gttctgatt2700
40 ctttttaaca aatgttatca tgattaagaa aatttccagc actttaatgg ccaattaact2760
 gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaaataaag ctgtttatta accttgaaaa2820
 aaaaaaaaaa aaggaggagg ggggggggag gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
 agggagggaa aggggggagg gggagg 2906

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

```

5 gcctcccgcc cgccgcctct gtctccctct ctcacaaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
 ctttcggtcc gccggacaca ccggacagat agacgtgcgg acggcccacc accccagccc 120
 gccaaactagt cagcctgcgc ctggcgctc cctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
 ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgccctttga gcagagaggc 240
10 ttctgggact tcacctgga cgatgggcca ttcatgatga acgatgagga agcttcgggc 300
 gctgacacct cgggcgtcct ggaccggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360
 cctttcggtc gccactgcca cctgcgggtg gttcagtgtc ccgacctggg tctgaagtct 420
 gtgccc aaag agatctcccc tgacaccacg ctgctggacc tgcagaacaa cgacatctcc 480
 gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgacctcgt cctggtgaac 540
15 aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttcagcccac tgcggaagct gcagaagctc 600
 tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgcccaacc taccagctc cctggtggag 660
 ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgccc aaag gagtgttcag tgggctccgg 720
 aacatgaact gcactgagat gggcggaac ccactggaga acagtggctt tgaacctgga 780
 gccttcggtg gccactgact caactacatg cgcatctcag aggccaagct gactggcacc 840
20 cccaaagacc tccctgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaacaa aatccaggcc 900
 atcgaaactgg aggacctgtc tcgctactcc aagctgtaca ggctgggcct aggccacaac 960
 cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac1020
 ttggacaaca acaagtgtggc cagggtgccc tcagggtctc cagacctcaa gctcctccag1080
 gtggtctatc tgcactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg1140
25 ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcacagcc tcttcaacaa ccccggtgcc1200
 tactgggagg tgcagccggc cactttccgc tcgctcactg accgctggc catccagtt1260
 ggcaactaca aaaagttagag gcagctgcag ccaccgcggg gcctcagtgg gggctctcgg1320
 ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc1380
 tgcgtccaac ccagccccc acctcgggtc cctgaccca gctcgatgcc ccacaccgc1440
30 ctctccctgg ctcccaaggg tgcaggtggg cgcaaggccc ggcccccatc acatgttccc1500
 ttggcctcag agctgcccc ctctctccac cacagccacc cagaggcacc ccataagct1560
 tttttctcgt tcactcccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtccc1620
 tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggctctg ccagggtcgc1680
 cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctctca tgcatttcca gcctttcaac1740
35 cctccccgac tctgcggctc cctcagccc ccttgcaagt tcatggcctg tccctccaag1800
 acccctgctc cactggcctc tcgaccagtc ctccctctg ttctctctt ccccgctcct1860
 cctctctctc tctgtgtgtg tgcgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtcttgtgt1920
 tcctcagacc tttctcgctt ctgagcttgg tggcctgttc cctccatctc tccgaacctg1980
 gcttcgctg tccctttcac tccacacct ctggccttct gccttgagct gggactgct2040
40 tctgtctgtc cggcctgcac ccagccctg cccacaaaac ccaggggaca gcggtctccc2100
 cagcctgccc tgcctaggcc ttgcccccaa acctgtactg tcccggagga ggttgggagg2160
 tggaggccca gcaccccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagtccca gacaccggt2220
 ttctctagaag cccctcacc ccactggccc actggtggct aggtctcccc ttatccttct2280
45 ggtccagcgc aaggaggggc tgcctctgag gtcggtggct gtctttccat taaagaaaca2340
 ccgtgcaacg tgaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

```

cacacacctg cacatactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
cagttgcaca cacacgcatg ctcaactccca cactgtgtgc actcaggtgg ctgtgttggg 120
cagttggggc cagggctccc ctgctgtcct gtggggccgg catctgctct cttctttct 180
15 cccaggtac ttctactccc gaaggattga catcaccctg tcgtcagtea agtgcttcca 240
caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
catcctcttc cccaggacc cctcgttcca gatgcccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
ggccacaggg gacgcccctg tggagaagct ctgcctacag ttcctggcct ggaacttcca 420
ggccttgacg caggccgagg cctggcccag tgtccccaca gacctgctcc aactgctgct 480
20 gcccaggagc gacctggcgg tggccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
gagctggggg gagcgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
ccagttgctg gcccggtaaa aaggcctgaa cctcaccgag gatacctaca agccccggat 780
25 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcctggagtg cacggaagtc 840
acaactggtc tatcagtcca gacgggggcc tttggtaaaa tattcttctg attacttcca 900
agccccctct gactacagat actaccctca ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
cttctctctc caggacaaga ggggtgtcctg gtccctggtc tacctcccca ccatccagag 1020
ctgctggaac tacggcttct cctgtctctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcaccac 1080
30 gtctggcggc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg 1140
gctcttcctg gcagacgtca ccgatttcca gggctggaag gctgcgattc ccagtgcctt 1200
ggacaccaac agctcgaaga gaacctcttc cttcccctgc cccggcagag cttttcaaac 1260
gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg aaaaacttct tcag 1314

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5 cctcccaaag gaactcccca atactagaac tcatcccaaa ccccttgac ttcaacaaat 60
 taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctcca acaacctaaa acaacgactt 120
 catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaa 180
 gactcccatc gtcttgagc cggtcttcac cagcgtgcgg cagaaaatcg agaaggagga 240
 tgacagtgaa ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc 300
 cgaatctcgg tccgtcaaa tgaagatcaa gcttgccggg aaggagaagg cacaggaccg 360
10 gctgaagggc ggccggcgcc ggccgagccg aggggtccga gccaaagccg tcgtgagtga 420
 cgatgacagt gaggaggaac aaggaggagga ccgctcagga agtggcagcg aagaagactg 480
 agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc ccctcgttcc agagctgaga tggcataggg 540
 cttagcagta acgggtagca gcagatgtag tttcagactt ggagtaaaac tgtataaaca 600
 aaagaatctt ccatatttat acagcagaga agctgtagga ctgtttgtga ctggccctgt 660
15 cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc 720
 cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccgtt gctggcagta ctgttgccgc 780
 gcagtttggg gtcactgtag ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta 840
 ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccg cgagggtatg tcagtgtcac 900
 tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaaggg 960
20 cgaga 965

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45 ctgcgcggcg acacaggagg cagcgagcac gcgtttcccg caacccgata ccatcgagca 60
 ggattttctc gcctcagccc aacggggagg gctagtgtca catagtgtat tagatgaaag 120
 agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacggtgca ttggcagttc ttcaacagt 180
 taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa 240
50 gacttacagg cagagagaaa aacaaggagc caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
 tgaggcaaaa attaaggcac tcttgaaaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
 acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
 tggcactgag atattttgtg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgttcc 480
 attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55 tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaa gaagcagctc agggaggctg 600
 taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcattctcagt 660
 tgccaacaat aggcctttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```

```

tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agattttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
5 cattcatttt gatgagcgag atggtgctgt caaggctatg gaagaaatga atggcaaaga1020
cttgagggga gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaattgtat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgaggggcgt ggaggtagag gtggttatgg1200
atatactcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatggtt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatatg aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagaggaagg ggtggtagag gagcaagggg tgctgctcca tccagaggctc gtggggctgc1380
tctccccgcg ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
tcgaggtgag agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcagggaa aaggggtcga1500
ggccggtcct gacctgttac aatgaagact gacttgctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtgag taatgtaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact1680
aatacttgga ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgc agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tcctagcatg1800
gtatcttaaa aagaataaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt tttcccttt1860
20 tttaaattaa ggaatccaac agtggatttt tgaaatattc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtggtagat atgaatgcca ctgatggtat ccttaaattt tatttctgct1980
caccaagggt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcagggt taatcatcag agctgggttag tcaggcattc cagatagtggt2100
ttcttttcag aaccttttta aaagggttg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 atacctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaaata2220
tgatatgagg gtaagatttt aatataccaa atgtaacatt cttagttgcc tttagtttca2280
gaggcttgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgct gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagttat ttggatgtat aatagtttag2400
caagatgtta cttttgtaag acatcagatg ttcaaaaaag tgcattccgaa cttgtactaa2460
30 atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tattttgaag ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagtt2580
tagcttttta ggtaaaagg atgtttcatt agtgcatttc ttctgtctga tcaactgtaa2640
catgtgaatc agcttttccat ttcttatgca ggtcatgata acttgtagag tagagtacaa2700
tcatttgtgc tatgttttta attttctaaa gcaccttgat gacagtgaat gtccagtgg2760
35 gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaaagaaa tccccctccc2880
ccttccccaa agggatactg cagtttatat acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata cttaattaag gttttatata caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a 3101

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

cggcgaggag cggcggtcca gactggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60  
 gagggcacta gggccctgcg agcggcgtct taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120  
 10 cggcgggggc ggacgggagg caccaggacc caggggaacc gcgacgggag ggcggcgagc180  
 aggcccgagg gccgggaggt gcgggcgagg gcgctggacc cgacgcggcg agagaggccc240  
 cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcgggtc ccgccgggag ggatcaagaa300  
 gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcgagg gcggtgcctg tcatcatctc360  
 ccggcgctc gagctcttcc tagagtcgct gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420  
 15 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcacgagc tggagcagca480  
 gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcatc tgttcccgac atgcaggagg acggggaaga540  
 caaccacatg gatggggaca agggcgcccg cagggccgga agccaggcag cggcgggccg600  
 aagaacggtg ggaagggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggag agactcggag660  
 caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaag aggagacatc acaaccccc720  
 20 cccaggcca gccacccctc tgcccacttt cagagccccc cgacaccctt cctgcccttc780  
 gcctctactc tgcctttgcc cccagcgccc ccgggcccct cagcacctga tgaagaggac840  
 gaagaagatt acgactccta gcgcctctc cccccagac catagcccct tttagttggt900  
 tttagttgct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaa960  
 aataaaaggg aaaaaaaaaaaa aaa 983

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFLLPEVMGS 60  
 45 DHCPVGAVLS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNNQ120  
 TRVQTCQNKQ QVRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQSPSP CPQASPDIEL PSLPLMSALM180  
 TPKTPEEKAV AKVVKQAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240  
 KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVOLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60  
RSGGFSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSRMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120  
15 PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

35 KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFITLA60  
TAFSSGVFGV MRALISGRLG SSMSGGEAWGQ LGEG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5 LHLAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60  
NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRIS STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCYV120  
GWKAFGRKKG SSRLKG 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

10 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

25 PGSQKVAKAV PFPQRRTAAV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGF PPPVPPGTPM 60  
IPVPMSIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENCGETTTV FVGNISEKAS120  
DMLIRQLLAK CGLVLWKRK QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRLLD LQIGKKLLV180  
KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240  
30 SELNAPSQES DSHPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

35 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

50 CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGSVLGV LGFPWEGDSN EVEKTFLLQQ SAAEETVLPS 60  
RPSGIQVTS LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

15

NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYSHNKDGS 60  
GNSFLDLQF SRYLGIYYIL FCIFLVLWRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WFCLVCHNPH120  
GCYMSIS 127

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 382 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40 HEVLCCRMALP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVGIG IMGKEGRQAA 60  
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTLL120  
YDSVYLTLYN ICFTSLPILI YSLLEQHVDP HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180  
GFSHAFFFF GSYLLIGKDT SLLGNGQMFG NWTFGTLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240  
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFII LMVVTCLFLD300  
IIKKVFDRLH HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL KQMQRSSAWT360  
45 PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

10

QELNKHKIHI LGAQKWPENP SIKQGYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60  
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIFPY 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

15

(A) LÄNGE: 496 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35

RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60  
SSTDMPQSIS VVNVDQLWED SVLTVKFPLK MVPREFFPAP SSDDVFIPT VREVQCPEAN120  
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQG AQVESQEVTI180  
HSIVTPEFVD LSVPRTFSTQ IVRESEIPTS EIQTPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240  
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEPFEMISS SVNVLGQQT TLTFEVPSGHL300  
ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSSVD360  
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KQEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420  
ELEEQLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVGTGLD SRVMVTSAR TELILPEQDR480  
40 KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

45

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

5

SLPASYWDS KSHSLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60  
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNRRRQAG120  
SDFPN 125

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

MGADLWTSFL ESTPVSTEE ENPMFGSQNQ SRPDFLLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60  
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120  
ACMGASSVPS 130

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

50

VVYRGVKCFI DKKKKTALAP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFLLFSA 60  
LTTFFFAASG FPLARYAAIS FSYSFSTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120  
VLL 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60  
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120  
TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFKRSELC TGGLNAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

LNMGKGDPKK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHPDASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60  
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLFCSE YRPKIKGEHP120  
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60  
PQLARYLGNT VDLSSFDERT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPDLN TTLPIRQTAS120  
IFKQPVTKVT NHPSNKVKSD PQRMNEQPRQ LFEWKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180  
GVGPGSNDST LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240  
KQEERVQQVR KKLEELMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

IIDIYIKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNELLGK VGRKLDPDHIL 60  
RLHLHCPFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

ISTVHFNIHL FCISSSRQDV CHQCFQFLA YLLYSLFLFP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120  
 SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
 15

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHPFPLGR GARSRHPCTH GRLAPPQSPP HSQPPFHSYC PSRSPQPSLR60  
 PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

45 NALWGPAGPG SPATLSHLAG VPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60  
 LTRTPSEPRA ATPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTL120  
 DRGIGQDP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 50 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einz I  
 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGPLG APPPFPTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFTA 60  
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VOLGLNNHMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

35

GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPN CPRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHKG LSTQTAPDPL60  
QRLG 64

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHLs PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60  
RDVERDVELY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120  
MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180  
ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEGO HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHLSR RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60  
SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQDDLHCHG 60  
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLVQLGHD AVPPTLVGEV120  
40 VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 45 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMIIMMLR SSNRVTWKLL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSKTRLLL60  
LKLLNPLINV GKHCL 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLRLGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60  
VTGHYISPFH DIPLKVNSKE ENGIPMKKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120  
NPIKQYVKDG KLRYVANIFP YKGYIWNRYGT LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180  
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240  
LNWFRLYKVP DGKPENQFAF NGEFKNKAFA LEVIKSTHQC WKALLMKKCN GGAINCTNVQ300  
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGPPQAR SGWGTRAQQP120  
 QQRAHGVDG P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

5

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

20

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60  
 TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120  
 PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKL VKTGSVV LTASTDLRGY180  
 25 VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWIH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240  
 WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300  
 GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRPFLA TLSSVPGAPE360  
 PCPDGSPAS HPLHPPLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPYEAPPS420  
 30 YEQSCGGVEP SLTPES 436

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

50

SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60  
 PGLPGEGSTG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQGAGS GHWPFGALCK120  
 VGDSGTC 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNV WDAVQVQGAQ 60  
 DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120  
 RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSRQRCP QAHAGPSQR LPGAVDDAAV180  
 20 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

40 GGVSPWRACV QORMEESPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRRQLLL 60  
 QKLLQRRRK G AEEEEQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120  
 KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180  
 HILVEGDGIP PPIKSFEMK FPAAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240  
 GSGKTLVFTL PVIMFCLQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLLQED300  
 45 SSPLRLCALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRMLDL LQKKMVS LDI CRYLALDEAD360  
 RMIDMGFEGD IRTIFS YFKG QRQTLLFSAT MPKKIQNFAK SALVKPVTIN VGRAGAASLD420  
 VIQVEYVKE EAKMVYLLC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGGKD480  
 QEERTKAIEA FREGKDV LV ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEIEYV HRIGRTGRSG540  
 NTGIATTFIN KACDESVLMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESM LDIG GERGAFCGG600  
 50 LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMD F 635

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

15

KPSRRRCRCC RCCIAGMSPC WLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60  
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120  
SELLFLFPFT PAAIKAQTSS PKKKKKK 147

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40 DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60  
EQVHHLGLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120  
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQGQVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

- 45 (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVVTEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLOGEG 60  
 QGHLSQKKT V TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120  
 PQLPSGLSMM RCLHNFLT DG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCQLLLEGL180  
 EGVLRDQLAL RALEEALEQG QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240  
 ALTMLSETQH KLLAEALESQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300  
 15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60  
 SSWHSSLKSKS SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120  
 LVERLWPVAG GWKVLCLFSG KRRTSKSESI TSWATRNRV LPEGMVTVFF WLRWPWSPC180  
 KHVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFVCVST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240  
 40 SARC 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60  
APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLERP120  
QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQALQDST CWTVQGLHRP180  
KALALLQRLR QGSQGLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCF 229

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60  
RGGVSSPSLN SEQTLCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

AVPRGSLRED GKVRCSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60  
NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARRGRHTPCL T 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60  
HLYPAQAQEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAAGV RGLVSEAAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGE120  
FQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RMKCSQPPRC HFQSDFFQKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60  
SGVGWVVSPP IQTQEVAPEG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120  
SLWAHQDAPR RACARVPT 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Prot in

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGS 60  
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPQPW120  
15 QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

20

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

35

RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60  
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLR TPTPELWSRG HCERRQRERH VEDTLTDPVG120  
SGRAEDRHTK P 131

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

5

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAQAQ60  
QNKKSSGFLS NLLGGH 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

10

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

25

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVMTLNLYT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60  
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60  
YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

- 5 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

GKPAALEAHQ GSRLOGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCTRL VLELEGPILP60  
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

- 25 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHCWSWRVL60  
SCPGVTPRVA GG 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

- 45 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

10 PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60  
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

15 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

30 QRWLWTSSTS PCWIRAFLEPP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLQ LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60  
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWPNLAF AMLELELLF FRGGNRVESG KGLAPKCCC120  
GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRSLGFG AHLLSGSISI LLLATSGQRP PQPHIARCWQ180  
KG 182

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

40 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

VGP GKQPPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60  
RPDLPSGRQE GPDPARSRG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120  
RERPGSRPQL 130

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAAWA ATPPFCNHMP 60  
MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

- (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60  
FQHVGTSSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDDFF120  
WAFTPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLPFDN PQSDKEALQE180  
GRTATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WVILSEIFLK240  
KAD 243

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

50

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

15 GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTLHSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60  
NIKALFPTTEI HSGLLLEVISP SPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRKQNL DYCFLMMYAQ120  
SKGIYYVQLE DDIKAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180  
20 FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240  
RSRN 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40 PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60  
ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGGA120  
ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLLQSG RGRGGPSLRP SGSTAPLDED180  
45 GLPCVGDSE DLPEKGRSLC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

50 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60  
CWVHPWEHGE QLWPVLLPRP VLGKLSSGPS LQRPRMGWVW GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120  
QRP GAFLS 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKROASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60  
35 EAARHTPGRQ ARPVRGPMDK PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIVWGE FNKSPFENEK120  
KKKK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPILGL CKEGPELSFP RTGLGRSTGH SCSPCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60  
 SLLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAHKG QSADPWTSPA PPQKQGLSL QDTPQSCGRL120  
 QEPSCGENLI KALLKMKKKK KK 142

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10

- (A) LÄNGE: 379 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

RRGLEGFNGG WTEPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60  
 PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLP SAYQP120  
 GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFPAH QSPMFPDTRV AGTQTTTHLP GIPPNHAPLV180  
 30 TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPA HQISV PAATQPAALP240  
 TLLPSQSPTN QTSPISPTHF HSKAPQIPRE DGSPKLALW LPSPAPTAAP TALGEAGLAE300  
 HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVLALLGIV YCTRCGPAP NKRITDCYRW VIHAGSKSPT360  
 EPMPPRGS LT GVQTCRTSV 379

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELLD 60  
 DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLWPFI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120  
 PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 10 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

PPPPGPLCLL PIKSLCLLPP SPQSPSPSCP LRAPLTRPHP SALHIPIPKP PKSQGKMAPV 60  
 25 PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSFWWSC LHWASCTAPA120  
 VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPCP PGAASQGCRP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180  
 WPGLHQGPMG AAQLDRWLPA PQAQPGSSLN H 211

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

30

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

LGEPOISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPLPG MPWDHGQGRL WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60  
 LWREWGRKN WHLREGDER FALILREASE KCFKVCVMRQ AVSGGGLSSP LPPSFPK 117

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKELSSSLKSS DVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60  
AEPGRWP GPD HGLSGAGHQG VRVPMLPQGV GMTGRSLVTR QWTS LGEGWR ERAGQAPAAH120  
RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCLRP180  
20 PEPSLPMIPR HARQGVGL 198

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

25

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40

SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAP EIW GSPSQHGV LG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60  
WKTQRRKRPW GGVPSCLQLA PWVPLCGGSP DSISSASE 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

45

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

10 ATRRRRAAEAG MAAVLQORVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNTYLVTGTP RRILIDTGEP 60  
AIPEYISCLK QALTEFNTAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120  
EEIIGNGEQQ YVYLKGDGDI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180  
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIYYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTFLFRE240  
15 NFEKSFTVME LVKIIYKNTF ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

35 GFSWGRSPLG RCWCLGGSWD PGYSPTHARL DWTAARRAAV QQPFPQPQPPA GVSPIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLLS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60  
SHYNFLDCCV KFS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSA QQQQAWQQAW SSARAPSR CR ARPSSSERPC 60  
PAVGRLASLY CCCMV FASPP R PGR TWVHCT GW PRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLL G120  
SWPLAASWRL WWPWSWAPR L 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60  
GSGQARFSVL LLHGIRFSSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120  
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180  
YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDLFL240  
QGLQ 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- 5 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60  
VLPGLGGEAN TMOQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120  
20 GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- 25 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

40 LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60  
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120  
LPVPEKAFPL LKFKH 135

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231.

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60  
AQAHLLVLRP QIKPSPHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQRSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60  
RNKGHGKKPQ GRDRFRSQT L GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR

52

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAWQQLRR PEASETLRLV GTHRPRORAL PRQRVASPPP RRGLGLTSPP VRLGQVVPGL60  
MPGVVSAAGT QVRRLEVPAL SLRLQHHLQL REGL 94

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIAPGTT CPRRTGGEVR PSRRGGGLA60  
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRSCC QAEPR 95

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

15 APTNTRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPPGESLQGM KLLTHNLLSS 60  
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120  
EGYEENEEFL RTMHLLLEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

20 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

35 YRAQKHCVWC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDPA 60  
ADGEHTSRFR ALQALYHFH LQQQVVHGPQ KLLILLISLN RPPRHLDTQ VIGRLQERRP120  
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180  
40 PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCGSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

45 (A) LÄNGE: 209 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60  
LSSMLGIPRL MGNIRPDSGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120  
SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180  
10 PHKLSPGRNR KKVVLRLCTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

15 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

30 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPKRARSG RSRVLA 146

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

40 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

SRTFSFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60  
KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQGRGRASP120  
HTLTAEFALG RVKK 134

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

PARTDRPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60  
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDEFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120  
25 DFGRSAAATA SGGLIFIFAL RWLKAFI 147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

45 PVLCRGNSGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPRV CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESQYQNL60  
LRQHQPGRGRC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

- 50 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

15 QDGCPSDGF AALQSLLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60  
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120  
LRLVLDLWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

FAWASVLQVD TCSRMI FVSR FLRFWWKFSG KRARIASAED RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60  
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

5

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLL CAAAPGHPGQ GQPAAGGLV GDADRAGDLE 60  
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCLHLRE TGWYILGPAE DSASAGSFLH120  
SHRCPQTL 129

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60  
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFYI RDTLLVTSG120  
AAIWTGAVAV LAGAAAFIYE KRGGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSY180  
NSACRISSSS DWNTAPTQS PEEVRLHLC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240  
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSIGI 268

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

35

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

DCIQDPQHDL HHPRGHQQPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60  
GHLITVGCSH CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

5

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR VWGEQPVLAS GQSPPGQEGS60  
FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

30

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

45

ARGGAMAAGL ARLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60  
SPVSGPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120  
NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

50

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Prot in

(C) STRANG: einz I  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPH HAREGVVGD PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60  
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

35 KVTDGHTTRTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60  
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRLAVA GPPRGANVS QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120  
TPRLGAPGPW TPLPTLPSHI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180  
40 LWEEPCVCK LLGLAARPTA GPSLDPTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLQQRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

VLRRLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60  
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGQWARGC SQPGFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120  
VSPWAPPSCP QGHPVLPTLRL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180  
35 TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFEPLLIF PVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGGAQRVWVS SLAGWRLEGR TARARSPLTL60  
PLPVGGTTRS CLRPPVASRP 79

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60  
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGKRQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60  
PPAESPRSNR SRASPAIA 79

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
(B) TYP: Prot in  
(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

20 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLVTV IQLHSYTVAL FGLSHEEVLV TNYVFGCF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

40 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

AFTRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGTITV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120  
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRH 179

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

QATLLLEPKL TKKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRTV RILKTTQQKV KKWKIV

56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKQWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLT60  
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSLSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

VMSDPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60  
CSYAVMVIPR QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

5

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KLLTRNVDK PLKANKQQT60  
VFAFSYSWQA EVRA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

10

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAESLLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60  
RNC 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60  
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

GDRKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQQNSPLA KSKPGSTGPE PPSQASPGP 60  
PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQRLK VIYGSSAGFH AVDVDSGNSY120  
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIIKDVV LQWGEMPTSV180  
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQRLKF LCERNQKVF ASVRSGGSSQ240  
VYFMTLNRNC IMNW 254

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

25

- (A) LÄNGE: 231 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

40

GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPP 60  
QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120  
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAGE VGKGLEGEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180  
GLRPRAAWLA LGQGRVLLLV HPCSLFYLSG PGWFSVGIHA PTIMVQGLPV P 231

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

- (A) LÄNGE: 454 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSTRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAAGVPA MAESVERLQQ 60  
RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120  
15 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLEFFQP HQAGLSKVQA180  
AEHTLRNINP DVLFEVHNYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVLDVLS CVDNFEARMT240  
INTACNELGQ TWMESGVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID ETKLKREGVC300  
AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360  
QEEYKKKVA ALPKQEVQE EEEIHHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420  
20 AYTIPKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMAK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

40 KLTVPKFNRN FNTFCTKIPA TTPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60  
GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTSTGFP SSNPPLLILS120  
MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKYYSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60  
LLRQRYGFSH SRLQFPFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120  
PAPAPGFAAA GAPQTPPWLG LRPPTL PARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60  
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

APALPPPAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTFAD SFSLGKVGCC60  
LTSPSSPPPI HTHRHPTPG RLVSHM 86

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

- (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVCQG LWCFLVIGTL 60  
25 MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEAG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120  
HSSQHQPVG LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

45 QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLL VHF CLPYQAVNEG RNLVCFIH HH60  
VPSAWHIVGL H 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

50

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

FFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60  
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQGA KNA SG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

20 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRCGPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60  
PFFPV 65

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVVERFSL NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60  
QTNIY 65

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSFPGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLSG GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60  
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVLR KKYQIYFJNI ATIAVFYALP120  
30 VVQLVITYQT VVNVGTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180  
EINHNRALLR NDLCALECGI PKHFGFLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTSFM240  
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300  
ATLLSTQLY YMGRWKLDG IFRRILHVLY TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360  
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAFY IIMKLRSGER IKLIPLLCIV CTSVVWGFAL420  
35 FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDFD DDHDIWHFLS SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480  
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAA LCRGAGLLPW 60  
 DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120  
 RPLFPPIPL QGLVWGLNLC PVSGPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVDF180  
 WC 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

10

- (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

25 ARPGCPAAIQ CWA AVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLLEDI DLVPLHSIQV 60  
 VIQCQHQEG PEHGDGGEV PDVVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGA E SLEEEERE A120  
 PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180  
 30 VDDVAHQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240  
 DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300  
 VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQGCAGVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360  
 DEQEKQPQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRLVG DHQLHHRKGI420  
 EDSNGGNVPE VDLVLFQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480  
 35 HSGPSTYRFK GAALVTREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

40

- (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

5 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENYKKT IMEQFNPSLR 60  
 NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120  
 LEEMLKSFHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180  
 GSKNPQKYSK KELQYIDAIK NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFECFLVE KQCAVAKNSA240  
 AYHSKGKELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVISD300  
 PIPGAKPLPV PPELAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKAQ QPKSLSPQSQ360  
 QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPSSSSMAA GLERNRMRV KAIFSHAAGD420  
 10 NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDSGD SDR LHMSLQQ480  
 GKSSSTGNLL DKDDLAIPPP DYGAASRAFP AQTAGSFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540  
 MSSADVEVAR F 551

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

AGEAAGQPGS PPSHQLAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60  
 PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120  
 35 PSAAEGGRP VGHCRQLQDV GKGILT LVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHP GPGRRRARPH180  
 CRASA 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

SGGSESGHFH IGAAHGPRSI VIQALGEGGH GHTVGPLEEA AGRLGEGPG GGAVIGGWDG 60  
 QVVLVQEVAR AAALPLLQAH VQPVTIAVQ DPGVGEGKPA PHLGLLTLV VPAIAGLRHQ120  
 5 QGNEVTLEA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180  
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDAVHDGCA LLGRHPPHER240  
 CQLGGHRQGL GPRNGVGNDQ VGLGGRQGAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300  
 RQLLRQQLLA LGVVGRGVLG HGALLLHQEA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360  
 VLQLLVRLV RILAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420  
 10 LRKQLVVKRL QHFFQLIDL PVDFSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCTRH480  
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAARREQR YQEQGGEASP QRTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60  
 SSPQPGKLRs PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEEPAPSTPP CLVQAE EEEAV120  
 YEPPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGGLSGQG LCARALYDYQ AADDTEISFD180  
 35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFPA NYVELIE 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60  
AGNLSWLSL CAPHSISLSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTCSSTR LTRCLQAPVC120  
ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFRCVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60  
STMASFLKGA HVTINARAE E DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120  
25 YQKTNAVSEI KRVGKDSFWA KAEKEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

- (A) LÄNGE: 597 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEG L TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60  
RIYPLPDDPS VPAPPQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNGLC DPYIKITLGK120  
KVIEDRDHYI PNTLNPVFG R MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180  
FLSRFGSHCG IPPEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240  
YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGLQMWV300  
50 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYLRVII WNTKDVLDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360  
EENKQKTDVH YRSLDGEGNF NWRVFPPFDY LPAEQLCIVA KKEHWSIDQ TEFRIPPRLI420  
IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480  
SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540



SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

20 DQHSCFKMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60  
SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

- 25 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120  
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
45 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRIITS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60  
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLGG PRWLGWLDLR120  
QSWALSISEE VVKKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180  
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRTICL CWVMPLMLRT 60  
RRVRSLETPG LSSHRRRMF CRFQQISLML TLRSKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120  
LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSGRG LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

10 EKEKPKEE EW EKPKDAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60  
LSEPPQERRF FRRGWVTFDR SVNKEICWN LQNIRLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120  
QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVSA180  
EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNPAEINVER DEKLIKVLDK LLLYLRIVHS LDYYNTCEYP240  
NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKTFEEKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300  
DPEQVEVEKFV TSNTQELGKD KWLCPPLSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360  
NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYQGP RPPILGYGAG420  
15 AVRPAVPTGG PPYPHAPYGA GRGNYDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDLADPD480  
DVDF 485

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

20 (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

35 ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHHRRH KOTSSGDHLT 60  
CRLDPQAKDL KDGTQEEATK RQEAPVDPRP EGDQRTVIS WRGAVIEPEQ GTELPSRRAE120  
VPTKPPLPPA RTQGTVPVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFGL180  
GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHFEKDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240  
40 DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYSV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300  
LSRLTGDKKF QEAVEKVTQH IHGLSGKKDG LVPMFINTHS GPVSPTWGVF HGGAPGADSL360  
LLSYLFER 368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

45 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60  
LKDLDTGFSS SWPHANLRYP FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCMQ60  
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAGPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLQPAWPQC120  
LPSASWCSGS RAALAPSCSA SPGRCF 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

5

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

20

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLPNLE LRTQVFHAPV 60  
WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHNPV HHRQPRGEVG TGLSREWGVY120  
VSVAAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RTTTTTIFAA GRLFFFFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFPPE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60  
MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVGWGLE120  
KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGEWGMVGS LGSQFEIGHG CSGLPQFWG WM 172

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

50

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLLKYAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLQ 60  
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120  
GKQQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGGSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60  
ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSQLQNQKT GSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPQHLEQTA60  
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

20 FKGKTCEMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTR 60  
AKSRVLRPSS FPGVANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

- 25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

40 RPPQRTLRLHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EAAAERPGSS 60  
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGCPAD SEVQHIIHQH120  
WQQLLP 126

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCEAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQR LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60  
LGKLQTMLSR KGKKQQKDLE APRKRDKKEA EPLVDIRVTG PVPGALGAAL WEAGSPVAFY120  
ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGPGTGQLVF180  
15 GGHRHPTVCT TGQSGSGSTAT VFAMAELOKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

35 KAGIEGHRGS CLPERRAOGT WHRPCDPYVH QRLRFLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60  
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGLGLAAP120  
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

45 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

5

PTTTLVIPLF FLSSRKQKQK DSFQTALCSL HCSFPAQAAS TGKAHVVTPT FSEVLLFHGV60  
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKG I LSPQPTCAP PGFANCFNF FFFFFFFLVET 60  
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120  
GGLCEGKD 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

50

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
TPWKRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- 5 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

20 ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- 25 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

40 SAHQLOHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- 45 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

10 NSRAIEYLN F QDVSLARKFP GKRS LTQSPR LPHKGQRAPP PAS 43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKS KSE EAHAE DSVM D180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

FMKNKSLPL PISTFIWFS IKFYFCPVL I NSLPLIQSH LEWTLLFYLF NFILLIFSVC60  
 HWMFFTERC FLSHI 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

20 SFGILKHA KA LNRRVHKGR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
 VHLVLP CRHV LGGQGLQN 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

40 LHLGAQRALA PGLFRLQGM L RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTRLAVR HVWPPCDRPL 60  
 RVGPGSPLPP GPLMHLLPA PAHQGVLP GA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLRRRPRP120  
 PGKAGSSRPR GLALRAGGPT HWRAPPLRY Y ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180  
 AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSSESEARPG RPCSLHPHCS VHFFYLHKHT HSTSK 235  
 45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

GSRRPPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPPSYGHQPQ 60  
 TSGGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120  
 15 QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180  
 SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240  
 AKGLCGSCNK PIAGQVVTAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300  
 SPRCGFCNQPI IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEPPFGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360  
 PRCQGCQGPI LDNYISALSA LWHPD CFVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFFHARRGS420  
 20 LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPSGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEGAC 60  
 40 EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPAD120  
 TVRVPERAER RDVVIQDGAL AALAARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180  
 LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEEAAASQG GGTASANEVL240  
 GVPGAAQSRH HLPSNRFIAG ATEAFGLGGN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

10 GLHLQPLLWR QSTEEEVREE GQALTEPKSC GAQGGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQPKIPAL60  
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKRP 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

30 ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPFSI CYISQGWGQG SCEQKEKYQL LKGLGFVGRA60  
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSGRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

50 SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60  
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

20 VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGP HGSLEGR 60  
GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPPVLP LFFFPSIKRC I 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- 25 (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40 SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60  
GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLDSGFR ELENKAIQDP RLFAEEKAVA120  
DTRDQADGSR ASVDSGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180  
SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEFVATTEST TETKEPKKAK240  
45 RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- 50 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

15 TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAEHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60  
AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120  
PSEEEKSLLP PLRAPQRPKN PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180  
RRLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSD IKAWPNCSYW240  
G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

35 AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYYNLV 60  
LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSMH QAASQSRFE GTTSLGEVRT PSQSDNNCR120  
Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5    GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRRLPC 60  
     THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
     GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10        (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
          (B) TYP: Protein  
          (C) STRANG: einzel  
          (D) TOPOLOGIE: linear

15        (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

          (iii) HYPOTHETISCH: ja

20        (vi) HERKUNFT:  
          (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25    VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60  
     SPSSKTQGSP PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
     DLFSGCK 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30        (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren  
          (B) TYP: Protein  
          (C) STRANG: einzel  
          (D) TOPOLOGIE: linear

35        (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

          (iii) HYPOTHETISCH: ja

40        (vi) HERKUNFT:  
          (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45    GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSKKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQ ELGSKVPFCP 60  
     MVGSEVSTE IKKTEVLMEN FRAIGLRIK ETKEVYEGER TELTPCETEN PMGGYGKTIS120  
     HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180  
50    EAEEYVLPK GDVHKKKEII QDVTLDLDV ANARPQGGQD ILSMMGQLMK PKKTEITDKL240  
     RGEINKVVNK YIDQGAELV PGVLVFEVH MLDIECFEYL HRALESSIAP IVIFASNRGN300  
     CVIRGTEDIT SPHGIPLDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

20 VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTD F NDLFHF LWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60  
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRR LQGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120  
LVHHLINLPS KFCVDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

- 25 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSEKVE FCGIGITPAL 60  
PLHGPTVGFN VNHISFYS L FLQTFKNAGV QFQLEGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120  
LTRS 124

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKKEK KKQDFDEDDI 60  
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKPTENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120  
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGG LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

RFKIKKDCKT ESGNVLWEPN KLPKKAKGKA QKSNKKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60  
ESGDESDEFL QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASFK IKTVAQKKA EKKERERKKRD120  
EEKAKLRKLE EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEETVVKSK VTVDTGVIPA SEEKAETPTA180  
AEDDNEGDKK NER 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPF PSLFSFPPLS SFLFLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQOSL 60  
WILQFLLOIS FEIPFVYSDP FYLFLTLLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLLPAGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60  
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCPA CGRRPPCVGG VPGSAHREPQF120  
EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRRCHP AGLPRRPPAA DPGARAAAGG RHLVCRSPLH180  
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGILR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

30 (A) LÄNGE: 416 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

45 QDGS GPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVVEL ARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60  
FVSLALRDRR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGALR VGDGPRVLGE120  
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLQVD180  
50 VTSFAGHPCT RASGHPCLNG ASCVPREAY VCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVTDLAF240  
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSLRT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGHQLQ300  
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLDTDG360

ALWLGGGLPEL PVGPALPKAY GTGFEVGLRD VVGRHPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

- 5 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

20 NOHMKNTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRRAWGVA EGYGHVQGGW AGPAEGQDTQ 60  
IGPGLASAPQ QPGLAQAARE QRRVPSSNI VWKSQYWRRR PRQGPEHTQE GAAQIGAWKG120  
PVGSPGGRAP SDLSSPFLSG TRVPPD GARV IQEPGLLP GG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180  
VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240  
K 241

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

- 30 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

45 LLQPQGEMPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60  
AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGVQLQSCQ YQWPTQAHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60  
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKELSSQV LRSTKNGGLL60  
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

5 KNLSQLEPRE NAKEEVKER GMGWAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLP RR 60  
 RSPASPRSAH LHHLGGLLEHF HLALADLLDV EGEWHLVDR GLGARVHHVV GREGFAQLVP120  
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLGEG180  
 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240  
 FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

- 10 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60  
 EGLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120  
 AGQVAQILHA RPRGVRALQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRDG GGRSGGRPAT180  
 CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

- 30 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

60 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
 TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120  
 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180  
 50 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240  
 TWRRRASRPR KTWRRRGTFW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348



- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: inz I  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSRFGSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60  
FEKAYFILDE FLLGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRSGS 106

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLFK ARMFPLGYLL KNLFCFPPL60  
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHS GHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60  
SGVKKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60  
HVPRFPLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120  
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180  
30 AAAQGEFVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

(A) LÄNGE: 361 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

SLASLSDSLG VSVMATDQDS YSTSSTEEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60  
50 MFHAFLSNNR KLYKKVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRTMMT120  
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180  
QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPM EKILQKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEM LNVEY MMELMDPALQ LGE GSYLTT300  
 TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTL NKA RASRSSVQPL HLRVVP GARA360  
 A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

5

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD TFVQGRLYNC FELLG VQGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60  
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HHLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120  
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGV L VGGHDRHPQA V 161

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGP KYVID VEQPF SCTL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENG EN 60  
 VWVAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120  
 VASSSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGP K PEPKVFNGGL GREAAASSVSA QPLLSPQAGL180  
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEVDGLTQ ETPLKPVSQL PGFAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60  
YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLQGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120  
RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180  
KEEARALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH ADAQRDARG240  
PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDRHRRRRP RWAAAAGSRT 60  
RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWLKTDHNE 60  
QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120  
LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTLSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180  
YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHQK AVVCLAFNDS VLG 223

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

FFFFFFFFEP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60  
LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRVQPG120  
GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRSRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180  
SPEGSQASPA HCH 193

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMGPS SC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60

GSSDDVLGVP REGAAPHFAA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERGVG120  
 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180  
 GLRDQLLVV CFQVPDSDSP ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFLQVTS240  
 TSACMILTSS C 251

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

25

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

45

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60  
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRALGAA60  
GFTNKQLSEN TAQGEEKRVM CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

CAYRTEKWKs HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
 HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

20 PYVHSPA WGLVGRIVSV HTDIPATFRT LIVSAEVALG SOLQTQQPPW FQLLSFQYIL 60  
 ETTPLIFLR TQSLCHFSV RPKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

40 NLHSNIKVEF YNVPKISGPQ QAVEVPVFFN 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einz l  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTKGNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

15 (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

35 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

50 QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHAASLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPAAGDRRPLPEWG RVSLAESPGA120  
EFCRPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE 147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

20 NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVL LWLSWGAALG AVACAMALLT 60  
QQTLEQLSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120  
QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180  
QGRQETLFRG IRSMPSHPDR AYNCSYAGV FHLHQGDILS VIIPRARAKL NLSPHGTFLG240  
FVKL 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

25 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

40 TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60  
CSGRLCQGYF SPFWEGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA PQLNQRATES120  
AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRVRV RAVVQKGRRL180  
LRKEK 185

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLVHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRVLGGT 60  
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120  
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRSLQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60  
PAEHRLLKTC WSCRVLGLG LMGAGGYVYW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120  
IIVMADPKGK AYRVV 135

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60  
SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120  
5 RRSDIGLKRLL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

GAEQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60  
25 SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPFITDL TFQWPTGPGS 60  
45 GQVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFDPDRM VSL 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60  
QEACCDPLCS MPIAQASSIP YHLPMLFFG TTTLAKREYG KORPRALLQY RHFEVGRQHM120  
LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVCQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLW QLKICSSSTL KRRKRNNLSL60  
IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60  
DIHDNVV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNGDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60  
LLPEMKTQN R 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60  
TLRGKRDPAF VLQFRISWWG DDRGWLRWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

15 EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60  
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPELKHR RRVPFATQGN120  
TFPRPGVPNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

20 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

35 SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPGWSDS GALS RPGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNLDQLN60  
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

40 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEPHFQQKV MEKETEKRIE EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60  
KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRGTRES SLPSKEALEP SGENVIQNKEL20  
STG 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPDNL GSFPWALSRY60  
GICNMEKIIF HFCSFNSINS LYK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCRQYL SIRLSSFMSL SLERNTRYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60  
VEQMKCKFSV NLKSPYNDCL HLTPWATS 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein



(C) STRANG: einz I  
(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

15 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

35 AQESPWQLCR GARTSKRRLP KLGMEQHCNE MCPSSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLO TSSQAIFYQK120  
GENSCLSEFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGEF EDSVFEERPE RRSPPASYC AKLCEPQWY EETESSDDVE 60  
VLTLLKFKGD LAYRRQEQK ALQYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEQARC LAHLGRHMEA120  
LEIAANLENK ATNTDHLTV LYLQLAICSS LQNLKTIK LQKLISLHPF NPWNWGKLA180  
AYLNLGPALS AALASSQKH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240  
30 RNGRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVPLSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVSGK HKRQSFPECG KKDILIVLSLE60  
VKLCCF 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQQSPAPPYA YPGEPDTEPD LPGHFFSWQN WLMTIFQRYW60  
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPRFV MRDNPGRGGD60  
HRGLQAPGWM KEGRGWGV 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTTPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPPS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60  
SPRSPRREER DV 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

10

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKPHF SFRLLQPPFQ NPPSPTLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTG60  
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

30

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACAQESS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTHNH60  
WGQPHPVQAF TNVISVLFYF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

50

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einz I  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

YDNSSTCKKG KVFPKGISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLFKDVF GTSVYGQTVI 60  
 LTVSTLSLSPR SEMRADDKfV NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120  
 LRCDYYGcNQ TADDCLNGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLIKKS180  
 20 GGAPECACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSGL DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240  
 TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQMqNPYSR300  
 HSSMPRPDY 309

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQTFtTSI QRGWQMSDGR KTPEARSLLV LTSPSVFLNT 60  
 LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CESCFCVICSV SLCTLNIYPL CDKKKKKKKK SRTSTFDFSQ PQRKNGSWD KQLVFFVSKTQ60  
IGHINATAFR SFDFFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTEFK NNVLSQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVAP60  
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50

LVPQGSLLQT HPFVFFSELE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20

PPLWVATVRN GCCHVFWTLP ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60  
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLFP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60  
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einz l  
(D) TOPOLOGIE: lin ar

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60  
KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

35

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60  
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120  
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDELK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180  
NEVNNELANR MSLFYAEATP MLKTLSDATT KFSSENKNLP IENTTDCLST MASVCRMVLE240  
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVIIILYDH VHPVGAFKAT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300  
EGLLNALRYT TKHLNDETTTS KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5 YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNFKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60  
ARASRRSQSR SCALLDRRGG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25 QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60  
AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

30 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45 TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60  
HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP 116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

50 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

SPDERCSIRT SPPRACPASP RTVLRSQEEP LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60  
TWSFMKSRHL EAGREWGGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120  
RRVPALDQSR GH 132

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60  
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120  
40 AQQKETQFNV WLLCSRETAT LP 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- 45 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRASP G AARSAPIAPA TGSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60  
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEELRAE LTKVEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120  
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGWNEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGQKTS180  
ALSTVGSAIS RKLGDNRNSA TEKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240  
PAPF 244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPELSTV PLLGCQDLAQ 60  
SDNFLFHLGK LSPDLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDNRIR HGVRQQTFRV RIQVDILAGG120  
VHVRAASGPC RGRYGSRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

5 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60  
 SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSMESDSRP LLGEFRLISW PAESMFGRRP DPVAGAMGAE120  
 RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RRGALWWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQQRGO GAPAREPIIS SEEQQLMLY 60  
 YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQOS 60  
 LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120  
 ASLLLLATST SGSECRFPRS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRS GDPRPAG PAGHAAGAFS180  
 TPQYLGGTAM VLLHVKGDE SQFLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240  
 50 AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLDKDEWGE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300  
 LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMEVVD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIRMEFENK360  
 EDLSGTQAGL NVIKEAEAHG GGQPRS 386

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

- 5 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

20 GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60  
 EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSERT DGRRFADPLP120  
 GSDCCRGNCQ NTDQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180  
 AA 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

- 25 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

45 HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60  
 GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKRLLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120  
 IMKGTEMCPK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180  
 VLRKALEHVP NSVRLWKAHV ELEEPEDARI MLGRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240  
 VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300  
 ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360  
 SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420  
 ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

(A) LÄNGE: 352 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

TPGRWGHCPR LGQQPPGPLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQQQDAP CCRHIPCQPL 60  
 GLGAHEPQHL CFGAVGHSP L QECFQGLPSA MVLLEVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVGDGSC120  
 LQGI VGYTTV SILHPGMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180  
 VGPQRGDGSV DDLLHHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLGI FIGLQPCQSK240  
 PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFPKNPLLC TNVRFQLCGS300  
 DVNPDRLWEM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60  
 DVPDLLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLLS AMLQLKLVEE GPGIPQVRVN120  
 LHSVEPLPG LGDLPLTFKQ LGHGQEHMGV MLTLLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180  
 VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQP QPRVLWVLQT RLFQNGPCSS KLPNLLLQPR240  
 EQKPQGGVG TLLQPLVIGF PRLHHLHLL LDLP LHPHQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300  
 VLHPLQLHRL HEHPGGGGTV RALASSLRAR SYSSFSDSSF TAASQISSLL GLAWKARARM360  
 LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLLGN420  
 TCRA 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- 5 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VVVQGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLFWLL RLVIYFLSLLP VTPGAPEYRL 60  
FSPWAVSLSC FLTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLLYSLV LFWHLVKLA 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- 25 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

40 VSVPSSSAAG TLFQGLCGAP DAPHPLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLPVN 60  
DGKPHIVHFQ YEVTEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120  
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- 45 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDPCRPLAH RGSSTVGEQH QEHRGPGTM CLQHSWGH LNKILLSWV 60  
FIILGSSAQG GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSR 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

30 PFCSSLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

35 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

50 EDKMRPGLSF LLALLFFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60



RSLGSGGSVS QLFSNFTGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

5

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60  
EELKLELES TPGKELKPGL GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEAGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

15 QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPPDLHKK QENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60  
LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120  
CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTSDELQ AHPGQPAAPV RHRIPEHAAA180  
QPAGPRDHEG GAGAGRRLLD AGHEAVPPGH QEVFVLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

20 (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35 PALLGLPFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQORLILP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60  
RCPASPRPSR RLPAPRGPEP HPAKRAGPGQ ARTPAASPPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120  
AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180  
TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240  
VMSAFGFPWP DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDNDIME300  
40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLNGV SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360  
EEMNDINAPY LVMGQKQGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

45 (A) LÄNGE: 323 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

10 VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60  
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120  
MTSGIQAPAC SSTSFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQRGRA180  
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDG240  
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGAPTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300  
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

35 RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60  
VCVDLGDWEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120  
ARVVAVSRTQ ADLDSLVRER PGIEPVCDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180  
FLEVTKAEFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHSVYCS240  
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPV VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300  
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60  
QVHAHGFYPR ALADKAVKIR LSPAHHHPR ARRVQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQL120  
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAHH SHHPRARRVQ180  
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

30

FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPLRSLSR 60  
KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGSL QVAWPMDVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120  
LVMSRAPLV EQ 132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIFWSLF CRDSWEYGHP APRCGNESSR SGEAALADVQ60  
LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHHAEE PYLV 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

- 5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

20 FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60  
SYTTSPISIC 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

- 25 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

40 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ SAQVSTDS 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

- 45 (A) LÄNGE: 270 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVVRRLCKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL120  
QRFKAWSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

35

RWRRRLSSR SRSRWAATPK VLTWVPMMPK SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60  
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPLTA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCGSRRLCLP120  
RARKTWCPRP SLNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRKQKQK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVHLDDGHA EGLQQRNDVD VVALLAHGLH 60  
LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120  
LNQVHERVVE ILNCEFSEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180  
10 RPLGLADVRVL FVEVLDLLLI DVVIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

NSERGRQAM MTHLHVKSTE PKAAPQPLNL VSSVTLSKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60  
30 PVTQGSPVIT TSMHTVGPI RRRYSOKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120  
QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRRN AATWKNVVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180  
VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNTL240  
GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPEEA EGPLSLVTTA300  
35 NHSPDFDHDR DYEDFPVNE ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDPNRPPDS 60  
 RHPRPLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRYCAEP RIL 103

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWKSKGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60  
 SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

- (A) LÄNGE: 539 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTIGALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60  
 SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTTPD SQFGTEHVLR IHVLEAQDLI120  
 AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFVIVTS VPGQELEV180  
 FDKDLKDDF LGRCKVRLTT VLNSGFLDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAELEE240  
 LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300  
 SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360  
 QGQVLLRAQL GILVSQHSVG EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQRLTH420  
 VDSPLEAPAG PLGQVKLTW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480  
 GTKRRTSQKK RTLSPEFNER FEWELPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRCSWT 539

45

50



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

- 5 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

20 LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTGPYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60  
SGPLGRGP EL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGWQH 99

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

- 25 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

40 VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRR PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRTLHLPRK 60  
SSLSKSLSKT STSSWPGETD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKLRPANFS LT 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- 45 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

FFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

IRFGISCPGP GISLQEPLPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGRITISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLQ QRGRGSCREI PGPGQEMPNI IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

20 ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60  
LLPPFPYSKT VPPTEGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

- 25 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60  
SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120  
SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDKKE YPYWPHQPIE180  
45 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 AQSIAGGFSG KAALEVRVS FQDFRELAMA FWFWMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60  
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

20 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60  
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPRGRFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60  
IGIGTSVVTC PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120  
DMLQLAEEPV PQAGQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLLR LCLQQGQLCE PLPSLAESRA180  
LAQLSLSRLS PEHRRLRSPA QYQVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

VIRVVSSQPR SESQGDCAH RLFTRACSLD DSTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60  
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCSMSMSG120  
30 DPSEPRSRKA ALLPGNVCFS GSSVSFIRGW PPTATSL 157

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLLFL WGKVSDESCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60  
RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

- 5 (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

20 FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60  
IEISEYRTQL YEYLQNRMM IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLLNLAKH AASTVQILGA120  
EKALFRALKS RRDTPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180  
AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEH KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240  
KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300  
25 SEEEPCTSTA IASPEKKKKK KKKRENE 328

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

- 30 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

45 YNRNSFLLIL VLSLFFFL FLWTSNCCAG TWFFLRKWFF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60  
CHFFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFILFIY LFYFAFFRTG WKCGVTRRIV SLHETFFVFIF120  
FCFC 124

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

15 SSFSLFFFFFF FFFSGLAIAV LVHGSSSESG SSLMCFFLPL FFFFTDVSS SSATFSSSSS 60  
STLTLLAFL AFFSVISSSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

20

(A) LÄNGE: 427 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60  
WDSELQREGV SHYRLFPKAL GQLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120  
VWFQDTVTDV DKSWEKLSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NDTDHYFLRY180  
40 AVLPREVVCT ENLTPWKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCARNARCTS240  
ISWELRQTLS VVFDAFITGQ GKDWLSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300  
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPPE NEAPPVPFLH360  
AQRVVSQGYL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420  
ADSAAGQ 427

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60  
EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

- 10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESSDYTLE KPKEPLPPPL PQARQSGAF 60  
PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYRG IKRAPLLPPQ PCCESCAGIN LRNSPEAETG120  
LMPWERSECE PMAPSLGNTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

- 30 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

45 EIRGRPPLFM PPLSCVDEFL QNRPHDTCPS VKLSPTTCRT TAYKWTHVPQ RAQIIPSRSP 60  
KNPCRLPFPK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQQAHAQRA SLSPTTEA 108

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470

- (A) LÄNGE: 317 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

NMVDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60  
KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPFEE GFTFRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFFEDPF120  
20 EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFDG GFTSFGSLGH GGLTSFSSTS180  
FGGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240  
EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVRS300  
RIERRWQEEE AEAERGV 317

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60  
ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTHLLQ LLLFLDRSRQ120  
45 FSL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGP GCPRSVL LALLLRETVR 60  
RVSQQRGRPG RLRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRI PYDDYP VVFLPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60  
35 QFLPRTITLK KPPGAQLGFN IRGKGASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120  
FQDIEHSKAV EILKTAREIS MRVRFFPYNY HRQKERTVH 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

40

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPPFF FFFFFFFFSIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60  
 RWKIPKILFA TDFYN 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGGLSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLQ LIVVVRVYP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60  
 VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLDNSV WEPEADA 97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

45 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRLPHR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60  
 DRPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120  
 TGVGTGIMAR GALLKPWLF EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGVekt180  
 50 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240  
 GVPVPTSPSC RSTRPTRTSS LRLSQGHPGA RRVQ 274

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

- 5 (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

20 AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGPLTDED 60  
VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTCGEMAVC TNLLQGQMSE120  
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGGGCA180  
LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLAHR LLPELRDWGV ALVTEMGTS240  
25 HLRMPTAPCR LVSPGS 256

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

- 30 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

45 NLLYSPRPRV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60  
AQVVGRLVD PLWEPLQOPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVLQ AVVGEVPQDV120  
QALGRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTS LHGA VGILK 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

- 50 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Prot in

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

15 GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60  
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLHVQLQT120  
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQFA QPGAEERRCP VLRRMPVALG180  
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240  
20 GAPTLPGPLD LQSGSGPRGGV GN 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40 AAQCLLHVQC KRSLFQSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARSFIS RHSQRRRED 60  
ALSSEGCLWP RRHSVRQRNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120  
SLFQSMEITE LEFVQIIIIIV VVTCLLSHYK LSARSFISRH SQGRRREDAL SSEGCLWPSE180  
STVSGNGIPE PQVYAPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240  
45 EPPPYQGPWT FKVRDPEEEL EIERGLGAET 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSC LHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRAQCQAT ESQSRSTPR LGPPTAWPCR 60  
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNWDW120  
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

RVLVSPLSL S MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60  
TQEGHALKTV FVDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60  
 GNPEPQNVIP PGSAWPDVPL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNSW AQRGVRGLSY 60  
 TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGP120  
 LPH 123

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

35 (A) LÄNGE: 303 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVGG AGLEPSQSGS LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVVDK WGGSLGRPES 60  
 SGHPGRTPAT CCHCAAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPPQ RLVQDVSGPL RELRPRLCHL120  
 RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHAEEVVA180  
 SIKAREDEAR LLVVDPETDE HFKRLRVTP TEEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LNNGSACSSR240  
 SDLPGSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAAEAKEKAR AMRVNKRAPQ MDWNRKREIF300  
 SNF 303



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

- 5 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

20 APRRRPRRRR LEPCESTSR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60  
PQPQWTGGWS CHCPEISPSP GEPPSCPCPP GTGGLWQQDR GRETQRCERE SETETERERE120  
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

- 25 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLNGRRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRDRQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60  
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120  
LVTGDGRGPS TCSSVGVTRS RLKCSSVSGS TTSSRASSR ALMLATTS AW RSPSTFCPFT180  
45 SMSRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

- 50 (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDGMGTPGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60  
LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLD TAVIQGDTAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120  
QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180  
GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLPDDAA ADCLFLRPGL240  
PGVPPFLHR GGGDLPNSQE ALQKLSDVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTROPRTK KETVSSCVI W EGQGGIWVIC 60  
QHCHCPDSSL GSVAAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWHS GDGEVPERV HDLSSSVIGP120  
FGEAYEKLPA GEENVSAIQ RVLVSYPHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TPQVAVLA AV APVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60  
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APPPASPSHP HRLPLQPLGF LSFLVSSPVS SGHPHSCRAV120  
10 ISAGAPPED RVGGEGLPRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

15 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

30 FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60  
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCITYFQT60  
FLK 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

20 DGSRLCHYI QKQDNLKLNQ CPLQSQQVQP HSARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60  
VVLFFLQTID IYS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

- 25 (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

40 KCATFWSFPR RQGGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVA A TDGRLKVG DQ ILAVDDEIVV 60  
GYPIEKFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120  
ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPIIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAI IHE180  
VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240  
45 EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VEVSDIVKGG IADADGRLMQ GDQILMVNGE300  
DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

- 50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: inz I  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

15 SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGLGL 60  
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGRL QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120  
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLQNKET EPTVTTSDAA VDLSSFKNVQ180  
HSGASQGGRG VVWLLSAKKI HSVESS 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMGQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60  
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

10 SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60  
SLPQPPASRP F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

30 SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVV ERRLLIEKYIA ENGTDPINNQ 60  
PLSEELQIDI KVAHPIRPKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120  
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

35 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

TTGRERGC RP CAGLFYCF LF LMKLDHCLQN PAQALLPIPE TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

20

FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60  
 LVQGFFIVFF F 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

25

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

40

EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60  
 SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE DPEAADSGEP QNKRTPDLP120  
 EEYVKEEIQE NEEAVKKMLV EATREFEEVV VDESPPDFEI HITMCDDPP TPEEDSETQP180  
 45 DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASGQR240  
 ADGYPIWSRQ DDIDLQKDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

15 ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTTSSNSRV ASTSIFLTAS 60  
SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSPRR120  
CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

35 VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFFILLDFF LHILFFRQIW 60  
SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120  
40 ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVGKDGIV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60  
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTISITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPFPAPPA60  
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

AIPNPMPEPK ANGHILLKK VSEKTIPNPK PVPFLWLSGL DRGWNICRDF SGGHQLPGFY 60  
LHDRIQTFV PLPAELRLRH VPHRLQLSS RPAPALRPLK VSRELETSR SGRQAQTLQI120  
SRDDPLLPSL PVFSVGRQGD AVVWRLEVTL TLGCAY 156

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

5 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

20 AASGMLGSWP ARTFHPGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60  
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWCPGR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDAGGES120  
RTPAPPRKGG AVTSVLCLFL IKTFPLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

30 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

45 TQNTGNRSAP PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60  
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120  
PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

50 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60  
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISST ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120  
QCAEGRRLTQ APGWKVLGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

35 NAYISGYERD FMTIQSNITL ADRETEVFHD LPSLPASLRQ NWIPTLVFFL PFTSFSLLYN60  
VLRDQNSHQN RLFLR 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 511

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60  
PLVQMLY 67

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

IFFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60  
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALELGGR LKECVVILSK M 101

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

50

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFWNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60  
SISDLQLGKD SPTNKLLYAK EIPEYRKIVQ RYYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAESRKYQN120

EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20

DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60  
CIQAAKHKLK ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120  
WPQTVSSSVR FLLLGRLLE WAVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCPR PSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60  
SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHDL RPIPLGVLIN120  
45 LCHGHIGVEL ILVFPRLLGQ MGIHLLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180  
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

50

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15

TSMEALLFRL FKLPAATTLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60  
DWDLERGKSS AKTGGELHGR RTAAARGGSE RPLVGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120  
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQAAFT AGGQPRREEA 60  
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120  
DSGILRVWHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGE180  
EPVFRANKVR NDWLDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRPRVLETT240  
YGEYPLTAMT LTPGGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300  
ASCGLDRLVR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360  
45 TDELWASLEA AAKRKL SGL E QPQALQTRR RKKKRPGSTS P 401

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

SWKLYVLVP DGNPQVQPI PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60  
THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120  
ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSLK IYPFQDPSLG180  
15 ADPHMVPA CS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

DPRPVSLTL ALLPRCHFSL SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60  
15 ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60  
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSCKLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60  
RVSKETGLGS Q 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60  
LPHLFHGVPC QGQALICGEG SKQRRRPFRG GERAVAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529



- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGKKLSA ALTNLSFFFF FFFFGKKPW LYSLCGDTVP FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60  
ASWRVRRHLHV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLs PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60  
SPPAPDVLEF TDHGGSGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAARFARQ LGSRYFALVE120  
10 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRLRAPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180  
LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240  
FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLSRLCLD300  
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360  
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420  
15 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLF S ERIDVFSPVE FNKVSVLGTI IKISLKTLAG480  
SVCGLRTFLA LCGLQQG 497

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

20 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

35

CGSGWSWPHW PATRPGQGP SQPREVLPA GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60  
PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRRPP120  
ASRHLLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

5

YDQALHLHV V GQQPFRFPG LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEDVGDG GRLVVQAEAG 60  
EQQEQGRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD T LTAELTPEVG LVGEGHLFGG120  
EKVHCCQRL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180  
QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPGSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

30

PSILIPMTPG GFFSVMVRK TGSTHRCSPA VYPLMRRIPC WRILIGRQET TG 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

50

AGKKPPASHH KESGCPSRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW

38

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Prot in  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDSHRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRRGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRRLDS 60  
RNSPQAPAGQ STSSSFCFC DGLESRLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

10 EPADSQARGR QCLLLHQQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHSTFKVC 60  
LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

15 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

30 YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60  
QCRFPGGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120  
ASWDLGMGT MASTQMSWKM APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AQVACCLTSL180  
LTHHSLEPTP APPRRSPR 198

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

40 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60  
 FSFCFKITNQ VRSPTSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120  
 TPWNLHMLTS YYKPTHPLS SGTGHPL 147

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTS L PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60  
 TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120  
 25 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

- 30 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

45

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTS PG 60  
 RELGMSWLI I ARQHVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120  
 VHGRGCWTSY LVCNFKTKK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMREGNE CRNLLWAFTF LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60  
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSLRV YV 92

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPPELDACCA60  
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIV 99

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFVP IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSSPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60  
LLPDHQRP HQ HNTTLRIQIH CWP HNSTVPH LLSRSA 96

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKP GCRVSAS SVPERWIAWS 60  
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGVLG ARAALRSWQ EARLQGVRL SSREVD RMVS 60  
TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRP PEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548



(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einz I  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

PLLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60  
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60  
CAVRGCSV 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSPPRRTR TPPCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRTSPTPGR QRHASRELLG60  
GWLRRGSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

15 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVPRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60  
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

35 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50

SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL

32

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

20 ITLQPI SQNM FLLL NNTQLF YLCVLFMPDH QYQ 33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

40 SFYFGW SHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLLL NCCVSVIDIG DQA 43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- 45 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMGFS IIFRPEAARP EVRLHLSALF60  
VLLLATLGFL LGTMC GCGMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARST KRADKCRRTS 60  
GRAASGLKMI EKPMWGMLSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50 NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVS NVAN 60  
SSHHPHPS SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

20 LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TFVAPPFIDP SAFKKLECEN

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

- 25 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

40 FRLPFLTWHF CSLQEPAWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH

44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

- 45 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10 RVNEWRSDKS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

15 (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30 MRSRLPCEGL VARHPRELRV PSVREWIDWP WVL

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

35 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50 VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60  
FTEAMSQ

67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

20 APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

40 YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS

54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

45 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVNDTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPFNFILIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKGK WASNVGKCP 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50 GEGRVWNPEG SKSRHWPDPH APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60



IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP

94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

20

GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDELI SWNAFQDWKS60  
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

25

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

DVLDLSLNWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60  
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- 50 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60  
LSVMAYVNNS VPS 73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

NKSPLQAPYV EFYLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIITAF C FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

5

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

25

GNLSLES LCN LYNWRYKNLG NLPHVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDF QGVGESEPNP 60  
YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120  
KVTTVDRFQG QQNDYIILSL VRTRAVGHLR DVRRLLVVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180  
LTPAFSQLTA RPLHLHIPT EPFPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240  
THHYHQTL LQ LPPAMVEEGE EVQNQETELE TEEAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300  
ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALT L KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60  
LFYHSRW 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SLMIMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60  
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120  
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLKL GGYHYYISYF HRSDLAKLCI LSLTIFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

FKFFELMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGRRTLQIKT ILVSFPQR

48

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEKGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

48

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFPLL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

48

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

- 5 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Prot in  
(C) STRANG: einz l  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

HCRILQGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKFA LVTKYFYS

48

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLW WAGKKPLKS 59

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSCQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL HLSDPSFHHY LQRCSYYAPV YRGCPTMTVP 60  
SQSNYSSESGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WNWCRSLGC IVRPGVGVAS LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI60  
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQHQGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60  
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDSDGNWGPI DGEKDVG 97

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60  
WAK 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

50

NGSFGTVGAV MSTWLHKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLK GK NTFTFSSSPE AQTLTYLTTS QLTPLCDHQ C GVVRLKDDSG HMTSL 55

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESH C GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGDI VEGERAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTY VQKVTVA

47

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTSLSTLA APSP

44

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597

```

5 GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60
 GGCTCCCTG ATACCCCGC AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCACC 120
 GAGGGGTCTG CAGGCCCCCA GTCTCTCCCC TTGCCTATTG TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180
10 TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATACCAC CTCTCCAAAT 240
 ACCAAGCCGT GCCACCTAC TCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300
 GCGCCGTCAT CTACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360
 CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420
 GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAAG CTGGAGGCC TTGGCGTGCC CGACGGGGCC 480
15 ACCTTCTGCG AGGATTTCCA GGTGCCGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCCT GCAGGACGCC 540
 ATAGACCACT CAGCTTTTCA CATCCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCTGAGC 600
 CTGCACCAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660
 GTCATCCCTT TCCTGCCCTT GGAGAGCTCC CCGGCCCAGC TCAGCTCCGA CACGGCCAGC 720
 CTGCTCTCCG GGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780
20 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840
 ACCCGAGCCC TCGGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GCGGCGGGCA 900
 CTGAACGCAG CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGTACTTGT CCTACCAGGC ACAGATGGAG 960
 CAGTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTTGGGA CTGGGGCGCC CTATGGGGTC 1020
 AGAATGCCCT TTGGGGGCCA GGGGGCCCTG GGAGCCCGC CACCCTTTCC CACTTGGCCG 1080
25 GGGTGCCCGC AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCCC ACCGCCCTCC 1140
 CCACAGCCAG CAGCCTTTCC ACAGTCACTG CCCTTCCCGC AGTCCCAGC CTTCCTACG 1200
 GCCTCACCCG CACCCCTCA GAGCCAGGG CTGCAACCCC TCATTATCCA CCACGCACAG 1260
 ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACCACATG TGAACACAGA GAGGGTCCCA GGCGCCCGAG 1320
 GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCCTTGCTT GACCACCTGG GGAACACCCC 1380
30 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCG TCTGCCCTGT GCCCTGTGGA 1440
 CAGTGGAAGA TGAGGTCATC TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTTAGG 1500
 ACAAACGGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTTA 1560
 CAATTCCAAT CTCTCTATTT CTGGGTGAAG GGTCTTGGTG GTGGGGGTAT TGCTACGGTC 1620
 TTTTAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T 1651

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598

55

```

AAACCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
AGAGTGCAGC GGCAGGCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
ATGGAACCTC CTCTCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180

```

AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTACGC 240  
 TGATGCCCGT GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300  
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360  
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420  
 5 GCTCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAA TGGAGGCTCG 480  
 GCCAGGCGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540  
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600  
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCTG TCAGACAGTG 660  
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720  
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780  
 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840  
 TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900  
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGCGCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960  
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020  
 15 AGAACTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CCGCATCCAG CCGCCAGCTA1080  
 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCG1140  
 GCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCCTGC1200  
 TGCTGAGCGC CTCCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC1260  
 CCACTCACGG CTTCCTCGTC TTCAAGTTCA TCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG1320  
 20 CCCTCAAATC CGAGGAGGAG AGCGGCAGTA TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGTGG1380  
 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440  
 TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500  
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTGTT CTTTTTGGA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560  
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620  
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAAT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC1680  
 AGGCTTTGAG TCAAGGCCTG CTAAGTGGC TGGGTGCTTT CTTCATCCG ACCTCGTTTC1740  
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCAGTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800  
 CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860  
 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920  
 30 ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCGAG1980  
 GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040  
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100  
 TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTTA ATTATTAAAC TGCTTTAATT2160  
 AAAGCAGTTT CTTTTCTTAT AAAGTGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220  
 35 TGATGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGGCTGGT2280  
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340  
 CCTTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400  
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTCTTT2460  
 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTTGCA GGCTCTTCTC TGTGGAACT2520  
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGATC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580  
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTACAC2640  
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCACTCCTA CCCCACCCCG2700  
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760  
 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820  
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880  
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940  
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCTAGAT3000  
 CATTGTCCTT GATGTCCAGG CTGGGTCATT TAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTGGG3060  
 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120  
 50 ACAGCCGAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTACTTTAAA3180  
 GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTC3240  
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300  
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Bas npaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60  
 GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120  
 20 CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180  
 CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240  
 GCGGCGGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGCGGTGT GAACCCCGAG300  
 AGTGCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG360  
 CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACCGGTC GGTGCGCCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420  
 25 CGGGAGCGCC GGGAGCGGG CCGCTTTCCT CGTCCTGTA AATGTTTATT TTTAACTCT480  
 TCCAGTGC AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG540  
 CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600  
 ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATTCACT CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660  
 ATAATTGTTA GCGTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGCCTCTGGA720  
 30 GGATTGATAT TTATTTTGC ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780  
 CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840  
 CAAAAA AAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

```

5 CACCCAACTT GTGTTGTTGC CGCCCGGCC TTNCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCC 60
 GGCACCTCTG TGGACCCCTT NTTAGTTCAC AGGCACGGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120
 NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180
 CCCGTGGTCC CTCCACGTGC CCATCTCTCT GCAGTGCCCT CCTCGCCTGT GCAGCCCGCC 240
 CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCCC CCTCCAGCAG GGCCTCTCTC 300
 CGTNGCCCCA GCTTCACTCT CTCCTCAGC ACCTGCCCTG CTGGAGGCCC CAGCCCTCCG 360
10 TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGGC CGCTCACCCG CCACCCAGTG CTGGCCCGCT 420
 TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCA GAGACTGGGC AGCTGTGTCT GGTTCGTTCT 480
 TTGCACTAAC CACATTTGTC ATCTCTAGGG CAGGCTGGGG CTGCGGGCTG AGGGGGACCG 540
 CTGGCACCCC CCTTCCCTCC CTTCTGGTTC CATTTCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600
 CAGGAGCCCG GCCTGAGGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTGCT 660
15 GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGG 720
 CCCAGAGCCG GCAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGCC GAGGCCGGAG CAGTGTCTG 780
 GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840
 AGGCAGCCCA AGGGCCTGGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900
 TCGGGAATGA ACCTCCCGCG GGCTTTGGAC TGAGGTCCCT GTGGCCTCGG TCTCCTCCCC 960
20 ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCCAATGGTG CTTTGGCTT TAGTGACGA TGTTTGCTGT 1020
 GCTTCCCGCC GTGGAGGGCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCTCCCG 1080
 GTCCCGGCC TGGCCAGCC AGCCAGGCC TCGAGGCTCG ATGCCTGTGC CAAGGCCAGG 1140
 GGCAGCCAGA GGGCAGCTGG ATGGCCACGT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTG 1200
 GCGGGCCGCC AGCCCGACA GTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCAGA GCAGCCGGCA 1260
25 GCTACCTGGA CCGGAAATGT CCTCATCCCC TCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCCTTC 1320
 CTCTGTGAAC CCCTCCTTTC TTTGTGCTGG TGTCTGGGAC CAAAAAGGGG GAATATGG 1380
 GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCT 1440
 CCAGGCATGA CCAAACCTCA GTGGAGGGGC CTCTGCTTCA GGCCCGCCT GGCTGACATT 1500
 CTGAGCCCCC CTCGGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCCT CTGGGCTGA 1560
30 CCCGCCAGGG GAGTTCTCCA GGCCTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCGT 1620
 GTGCCGCCCA AACGCCCTGC GACCGCTACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAG 1680
 CTGCCTGCCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGGCGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCCT 1740
 TGCTGTCTCG GGA CTCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACT 1800
 CCAAGTTGA AGAAGGAAA CCGGGAAAAT CAAAAGGGGT TCAAACCCCA CCTCAGTAGG 1860
35 TGGAGGGGAG CGCCTGCCAT TGGTTGTATT TTTGTTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTC 1920
 AACTACTCCA TCCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGCTGCC 1980
 ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGGTCTTG CAGCCCCCAG GCCCACAGCC 2040
 TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCAGGGG CTTACCTCAC 2100
 TGAGAGTGCT CCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGGT 2160
40 TGGTAGTGAA TGGGCCTGGT TGGGAGCAGC CCCTGGCCCA TTGGCCACCC ACCCATCTCA 2220
 CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTTG CTCCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC 2280
 CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCCCTGG ACCCCAGAAC CCCAGACAAG GGGGCAGGCG 2340
 GGGGACCAGG GCCTCTCCTG TGGGATCTTT GTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC 2400
 TGAACCACTT CATATTTGTT ATATATAATA TATATATATA TAATCTCCTT AAGACTCAGC 2460
45 CTCCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTTAACA 2520
 TCCAGGAAC TAGGCCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCCCTC CTCCAGCCTC TGAGGGCCA 2580
 TGGCTGTATG TACTGTCGCT GTGTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGGCTGAT 2640
 TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTGG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT 2700
 CTGTGGTTTC TATTCAGCTT GGGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAAA 2760

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: lin ar

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte parti lle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

```

15 GCGCGGGCCG CGAGAGCAGT AGGTGTTAGC AGCTTGGTGCG CGACAGGGGC GCTAGGTAGA 60
 GCGCCGGGAC CTGTGACAGG GCTGGTAGCA GCGCAGAGGA AAGGCGGCTT TTAGCCAGGT 120
 ATTTCACTGT CTGTAGACAA GATGGAATCA TCTCCATTTA ATAGACGGCA ATGGACCTCA 180
 CTATCATTGA GGGTAACAGC CAAAGAACTT TCTCTTGTC AACAAGACAA GTCATCGGCT 240
 ATTGTGAAA TATTCTCCAA GTACCAGAAA GCAGCTGAAG AAACAAACAT GGAGAAGAAG 300
20 AGAAGTAACA CCGAAAATCT CTCCCAGCAC TTTAGAAAAGG GGACCCTGAC TGTGTTAAAG 360
 AAGAAGTGGG AGAACCAGG GCTGGGAGCA GAGTCTACA CAGACTCTCT ACGGAACAGC 420
 AGCACTGAGA TTAGGCACAG AGCAGACCAT CCTCCTGCTG AAGTGACAAG CCACGCTGCT 480
 TCTGGAGCCA AAGCTGACCA AGAAGAACAA ATCCACCCCA GATCTAGACT CAGGTCACCT 540
 CCTGAAGCCC TCGTTCAGGG TCGATATCCC CACATCAAGG ACGGTGAGGA TCTTAAAGAC 600
25 CACTCAACAG AAAGTAAAAA AATGGAAAAT TGTCTAGGAG AATCCAGGCA TGAAGTAGAA 660
 AAATCAGAAA TCAGTGAAAA CACAGATGCT TCGGGCAAAA TAGAGAAATA TAATGTTCCG 720
 CTGAACAGGC TTAAGATGAT GTTTGAGAAA GGTGAACCAA CTCAACTAA GATTCTCCGG 780
 GCCCAAAGCC GAAGTGCAAG TGGAAGGAAG ATCTCTGAAA ACAGCTATTC TCTAGATGAC 840
 CTGGAAATAG GCCCAGGTCA GTTGTCTCT TCTACATTG ACTCGGAGAA AAATGAGAGT 900
30 AGACGAAATC TGGAACCTCC ACGCCTCTCA GAAACCTCTA TAAAGGATCG AATGGCCAAG 960
 TACCAGGCAG CTGTGTCCAA ACAAAGCAGC TCACCGACTA TACCAATGAG CTGAAGCCAG1020
 G 1021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

```

GATCAGGCCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
GAAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
5 AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTC CAAGTTCGT 180
TCTCTTCATG AAAGTGTCTT TGCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCAC TGGTGATCAA 240
GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
AGCCTCCCTG CTGTCTGCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480
ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATGCGGACAG TATATTGAGA AAGGCTATTC 540
CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAAGTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGAGTAA 600
CTTCTCAGAT ACGTTCAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAATGAAG ATCCTTCTGT 660
GGTTGGAGAG TTAAAGGGCT CCTTTCGGAT CTACCCTCTG CCGGATGACC CCAGCGTGCC 720
15 AGCCCCCTCC AGACAGTTTC GGGAATTACC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780
GATTTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCCAGGAC AACAATGGCC TGTGTGACCC 840
TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTGAAGAC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
CACTCTCAAC CCAGTCTTTG CGAGGATGTA CGAACTGAGC TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTTACC CGGGATGAAA AAGTAGAGA1020
20 AACAAATTAT GATCTGGAAG ACCGATTCTT TCCCGCCTT GGGTCCACT GCGGCATACC1080
AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT1140
GCTTCAAAAT GTCGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCCG AAGATGGGAG1200
TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTTGGATGAA TTGAAGCCA ACAAATCCT1260
GCACCAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCCTCA GGACTCAGGG1320
25 GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTGACACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTT1380
CCAGGGAAAA CTTCAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCAAG AGTTTGGGGC CACAGGCC1440
TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAAGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGA1500
CACCAAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA1560
CGTCAAAGGC TGGATTCTTG GCAATGAAGA AAACAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG1620
30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTTAACTG GCGATTTGTT TTCCCGTTTG ACTACCTTCC1680
AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTT TGGAGTATTG ACCAAACGGA1740
ATTTGCAATC CCACCCAGGC TGATCATTCA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGGA1800
TGACTACTTG GGTTCCTAG AACTTGACTT GCGTCACACG ATCATTCCTG CAAAATCACC1860
AGAGAAATGC AGGTTGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAAGCCAA1920
35 GACAGCCTCC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA1980
AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA2040
GGAGGCCGAC GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGGACGAA CCCAACATGA ACCCCAAGCT2100
GGACTTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCAT GCAAGACCAT2160
40 GAAGTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTCAATCATC GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT2220
CCTGCTGCTC TCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTGCCG AACTATTGT CAATGAAGAT2280
TGTAAGCCA AATGTGAAC AAAGGCAAAG GCTTCATTTT AAGAGTCATC CAGCAATGAG2340
AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTT TGTCTGAGAC CACACCCAG2400
TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTCCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGA2460
GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAAAA GTTTTATTTT2520
45 CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAATAT TTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAA2580
CATCTTTTAT TATGTGCTT CGGTCTAGA CTTACGCTT TGGAATGTC TAAATAGAAT2640
TCAAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTCATATTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG2700
TGCATTATAA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCTTA TTTATGCCCA CAACCATG2760
TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA2820
50 TGTTTCACCT TTAAACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT2880
GGGGTGTGG 2889

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 3638 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
GTTACCAACT GGCCAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
GCTAAACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGCG GCGCTCGGGA CCCACCAGCA 180
20 ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
CCCATATTG GTCCCGAGGA GGTGAATAGT GTGGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCACGTGC 300
TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
AGAGGTGGCT GCATAACCCT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTG TGGTGAACAT TGCCAGCTG 480
25 AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CCTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
ACAGTGAGCC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
AAGAGGAAGT CTTGTACAA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
GGTTATGTGA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTCAGGG TACTGGCCAA 780
30 CGACTGTTCA GCGTTGTCTA CAACCAACTC AGGCTCAGCG ATGCTGGGCA GTATCTCTGC 840
CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGGA AAAGTGTGAC1020
GTGGTCGTC AACCCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35 CCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCAGTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
GGGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTCCGAT GGTGAGTGC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
GGGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAAGC1320
ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
40 AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CCAGTACGAG GGCCGCTCT CCCTGCTGGA GGAGCCAGGC1440
AACGGCACCT TCACTGTCTA CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTTCTACTGG1500
TGCTTGACCA ACGGCGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
GAACCAAGCC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGT1620
CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45 ACGGGTGCC AGGCCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCCA GCAAGGCCTT CGTGAAGTGT1740
GACGAGACCA GCGGGCTTGT CTCCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGT1860
GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGGTCC CGCGATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCGGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTAG1980
50 GATCCAGGC TTTTGTGAGA GGAAAAGCGG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
AGCAGAGCAT CTGTGGATTC CGGCAGCTCT GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
GTCTCCACCC TGGTGCCCTT GGGCCTGGTG CTGGCAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACGTCGAC CGAGTTTCAA TCAGAAGCTA CAGGACAGAC2220
ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAACTCCAGG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55 TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAAAGAAG AGTTTGTGTC CACCACTGAG2340
AGCACACAG AGACCAAAGA ACCCAAAGG GCAAAAAGGT CATCCAAGGA GGAAGCCGAG2400
ATGGCCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCGTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
CCCCAGGAAG CCTAGACGGT GTCGCGCGCT GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
AATCATGTCT ATCCTGGGGC CCTCAGCTCC TGGGGACCCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```

CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640  
 CTGGCCTAAT TGTTCTTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700  
 TTTCTGTTGA GAGAACCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAAG2760  
 GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCTCTG2820  
 5 CACCCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAAATTT TTCCCTCCA CTCCATCCCT CCTCCCGTC2880  
 CTTCCCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940  
 GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000  
 ACACCAGTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GGCGTATTTA TACTCACTGA GTCTTAACCT3060  
 TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCCAT TGGGAGAGGT CATAAAATGT CTCGAGTCCT3120  
 10 AAGGCCTTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180  
 CAGAAGCGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGTG AGATAAATTA GATTTGCGAT CTCCTGTCT3240  
 GGGCCAGGGA TCTCTTACA AGAGCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300  
 AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAA GGAGGGAGAT CTTTCCCAGG CCGCACCATT3360  
 TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAC CCCTGATGTT3420  
 15 TGAAGAGTTC CAAGTTGAAG GGAACAAAG AAGTGTGTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480  
 TCTCCAGAAA GCTAAATTT AATTTCTTTT TTCTCTGAG TTCTGTACTT CAACCAGCCT3540  
 ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600  
 GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAGGG 3638

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2775 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 25 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 604

ATAGGTTTGG ACCTTTCTTG GTAGAATTAC TGCCCTAATT TTGTTCCACT GATACTAGAA 60  
 45 ACGGTCTGAT GTTAGAGCTG GAAGGGATCT GTAGTATCAC GCAGTCCGAT TCTCTAATTT 120  
 TCCACATGAG AAAATGAAGG TCCAGAGGAA GCAGAGACTT AACTCACAAA TCAGAAAAGC 180  
 GGTCTTTGCA GAACTGAGGC CATAGTGAGG ACTTCTGCT TTCCACCATA CCACCTTGCC 240  
 AGTCCACACA AGAGGGAGGA TGTATTTTGG GGGGCATACA CTGAGGATGG AGAAAGATGG 300  
 CATCAGAACT GCTGGGTGAA GTGGTGGCTT AACTGGACTT TGACAGCTGC CTTTTGAAAA 360  
 50 CCCAAAACCT AAACACACTG CATGTAATCA AAAGATGCTT ATACTAATAA TGACCTGTGC 420  
 TGTTCCTACT CAGTTGCTCT CTGTTTTCGA GAAGCATGA GAAGCTGCAA CATGACCTGG 480  
 AGTGGAAGTG GAGAGTCACA TTTTGTGTTT AGCCACCTGC TGGGCAGCAG AGCGACTGCA 540  
 CCTTCCCAGA AGGCTGAAGT GCTCGTGTGC TGCATCTCT TGGCATCTCT GCAGTGGTCA 600  
 GAGTGACCTG GTATAAGGGA GAGGGCATCA CCTTGCCCCC TGTGCTGACT CCTGCCCTTC 660  
 55 CCCTACAGGA GAGTCCATCC CGATCCGGCT CTTCTGGGCC GGGTATGAGC TCACGCCAC 720  
 CATGCGGGAC ATCAACAAGA AGTTCTCTGT GCGCTATTAC CTCAACCTGG TGCTGATAGA 780  
 CGAGGAGGAG CGGCCTACT TCAAGCAGCA GGAAGTGGTG TTGTGGCGGA AGGGTGACAT 840  
 CGTACGGAAG AGCATGTCCC ACCAGGCGGC CATCGCCTCA CAGCGCTTG AGGGCACCAC 900

```

CTCCCTGGGT GAGGTGCGGA CCCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960
CCCCAGGGCC GAGAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020
CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTA CTTGCAA CCTGAAAACA1080
AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGGTGGGAAG1140
5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200
AGCCTCTCTG GGAACATGA GCCCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCCTC TTAGAGGAGG1260
GAGAGCAGAG AGCAGCATC CTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCTGAT ACAGGATCTG1320
AGCATGTCCC TGGGATTCTG AGCTGCCAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTTGTACTCC1380
CCTTTGCTGT CCCGGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCCCTAAG TGGCAGGGGA1440
10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGA TGTGGTGATC TCAAGTTCCC1500
ACAGGCCACC TCCCTCTGGC CACTCACTGC TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCATCCT1560
CTCTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGGAGA1620
AGCCCTGGGG TCAGTGTCGT GCACGGATGG CGGCAGTGT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680
GGCCCAACC GGAAGATGAG TGCATGGCAA CGCCTGCCT TCACGTCGCT CCACTTGGTA1740
15 ACCCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTCACGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800
AGGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860
AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCTTCC ATTTCAATTC TGGGAATTGG GGCTTAGTTT1920
CGAACCTTTG GCAAGGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTTACCCCT CTCCCTATAG1980
GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTTCT2040
20 GCTTGCCAAA TAGGTCATCT TCACCAAGTT ACTGACCCAA GTTAGGACC ATTGGTATCG2100
TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAATC TTGTGAATAT TCTGTATAT CTAGAGAGGA2160
AGGTACTTCT CCTCTACGG CTCTGCGCTG GGGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220
CTTTTTCTGC TTCCCTGGA AATGACAGG ATTACTCTCC CATTTGGCTC CCTTCCCTTT2280
ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340
25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAGTTAG TGTGGGAAAG2400
GAAGACTTCT GTTTTCCTGA GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460
AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTG GGTAGCCTAG GAGGGCGACT GGCGCAGCA2520
GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTAGG TGCGACACAC2580
AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640
30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTTCT TGCCTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700
TATCCCTCCT TTTCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760
CCCTTCCCCC CAGAG 2775

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 944 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 40 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGGAGTG ACAATCTTTG CTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

```

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTTCTTC120
GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAAA180
GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240
GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300
5 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TGCGGTGGCT CAGAGCACCC GTATCATTTA360
TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420
CTTCCTTG TG GGTGGTGCTT CCCTCAAGCC CGAATTTCGTG GACATCATCA ATGCCAAACA480
ATGAGCCCA TCCATCTTCC CTACCCTTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCCAGAAG540
CCCAGTAACT GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTTCCTGTGG600
10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CCTTTACTGT TTATATCTT ACCCTGTAAT GGTGGGACC660
AGGCCAATCC CTTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAACTA AACGTCACCA AGGTGGCTTC720
TCCTTGCTG AGAGATGGAA GGCGTGGTGG GATTTGCTCC TGGGTTCCCT AGGCCCTAGT780
GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840
AGGCAGGAGT GCTGCCCTCT CCCATGGTGC CCGTGCCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900
15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCCTAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 606
- 40
- ```

CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60
GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120
CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180
GGGTTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTC ATTCTCCTT 240
45 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300
TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGCTC CAGCGTTCCT 360
CTGGGACCCT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCAAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420
GCTCTGTCTT CCCCCTGCTC TCAGTTTCCC CCAAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480
GGGGCCTCCC ATGGGGGCAA GGATCCCCTT TAGGATTCAA TCTTCTCTT TTGGGCAGTT 540
50 TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600
ACAGCAGCTG GGTGGGTGGT GTGGGGAGAG GCTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660
GTGGAGTTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGGG CGTGTTTCA ATTTAGAAAA ATCTCAGCCA 720
GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGTTGGT 780
GGCAGCGGGG GCCGCTCAGT CGCTGTGCTT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840
55 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGCGAGT CGCCGGCCTC 900
CCCCCGCTCC GCGCCGCCCT CGTCGTCGTC GGCGCCACC TCCACCATCT CCGTGGCCTT 960
GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020
GTAGACCGCG GTCTTGAGG GCGCGTACAC CACGTGGTGC GCGGTGAAGG ATTTGCGCAA1080

```

CTTGTCCCGC GACGTCTTCA GTTCTCGCG CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCAG1140
 CTTGTTTATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCGG CGTCTTCTCC AGGTTTTCTT TGGTCTTGAG1200
 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260
 GAAGGCCCTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320
 5 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380
 GCGTCCTCCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGCTCCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440
 TCCGACTCTT TCAGCGATT TCTGATGCTC AGTTTGGCCG GCAGCTTCAC TTCATCCTGG1500
 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560
 TTGATCTGCC CCGCCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620
 10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680
 AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800
 CTCAGCACCA GCACGCCGTT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860
 GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCCTCG GCGATCGGGG1920
 15 TACCCGGGCA AGCGGCCGC 1939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

40

GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60
 GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCCAAGGCAT TCACCCTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120
 AACCCAGGCA GAGCTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180
 AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCACAT 240
 45 CGATCCCAGC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300
 TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCCAAGACTA AGATCCCTGC 360
 CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTGCG TTCAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420
 TGCTCGGCCCT GATTAAGACG GTGCAAGATC TGGAAAGGACG TCCAACCTTC TCCCTGATGA 480
 CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAACCCC GGGGAAGTCC TCCCGCGGCT TGGATGTGGG 540
 50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCTCG GACAACTTGG 600
 CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660
 CTGTTGTCTG CCTGGCCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720
 TGCTTGGTGC AGGTGGTGGC AGCNTGGAGG GACCCATGCA GCACCCAGGT CAGAGCAGAC 780
 CCNTNCCCT NGCCNGGCT GCGCCANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GGCGCCTTGA 840
 55 CCTGCTGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTGA 900
 CAGAGCTCGA CCCAAGCCAG GCTGCACACT CCTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960
 GGAAAGNTCN GCCGAGGGCC CANAAGCTGC TGAGGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCACCCCC1020
 AAGCTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGCGTTTCAG GGCCTCGGTC CATAGAGAAC1080

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140
 TGCAGGTGGC CTGGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTCGGGGG1200
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA CGCTGTCTCC GGGGCCCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320
 5 TGGGGGTCTT CATGCACAGG CGCTGCACCA AAGCCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380
 AGGCTCCCCT GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCTGGCT GGGGACCCAA1440
 GCCTCTTGGA CTTGGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCCA1500
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTGTCTCT CAGGCGGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560
 CGTCGAACAG 1570

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 608

35 GCACAATCCC GGCTCACTGC AACCTCCAAC TCCTGGGTTC AAGCGATTCT CCCGTCTCTA 60
 CAAAGTATAC AAAAAAATTA GCCAGGCATG GTGGTGCGTG CCTGTAATCC CAGCTACTTG 120
 GGAGGCTGGG GCACAGGAAT CCTTTGAACT TGGGAGGCAG AGGTTGCAGT GAGCTGAAAT 180
 CACACTACTG CCCCCAGCC TGGGCAACAG AGCAAGACTC TGTCTCGAAA AAAAAAAG 240
 AAAACAATGA AGGAAAAGGA GGGTGAGTTA GCTGGAGTAG AATAGAGGTA TAGAATCGTT 300
 40 CCTAATAAC CGGCTGCATT GGTTCCTGG AGACTTGCTA AAAACCCAGA TTCCAGGCC 360
 CCACTTCTTG GTGCTCCTAA TTCAGTAGCA TCACAGTAGG GTTCCAGAAG CGGTATTTTT 420
 AACAAGCTCC CAGGTAATTC TGATGTGCAC CTAGATTTGG AAATCACTGT GTTAAAAAT 480
 ATTGTGAGGT AAGTTGGTCA GTTAGGTTGG GCAGCTTTTA TTTCATTGCT AAGGGATTG 540
 GACTTGATGG TGAATAAAG CATTAAATTGA ACAAATATTT ATGGAGCCTG TACTATGTAC 600
 45 CAGATGCAGA CTGTGCTAGC GGTGGGGAT ACAGTGATGA CTTGGTCTGC CTCTAGGTGG 660
 CAGGGAGCCA TTTTGGGTTT TCGAACAGAA AAGTGACATA ATGAATGCTG AGTTCTTAGG 720
 AAGATTAATC CAGGAGTAGT CTCCAGGATG TACTGGAAGG AGAGAAGCTG AAACCAGGGA 780
 GGCTGCTGTG TTTGCAGTTG GCTGCCCAGT GCTACCTCTG CAGAGACAAT CAATGTCCTG 840
 AAGGTAGCTG GTATGTCTGT GTGCACTGAC ACGAGCCTTC CTACCAAGCC CCAGGGGCTC 900
 50 CATGCTGGAG AATGCACGTA GGGCTAGGGT GAGCACTAAC TTCACTTCAG GAGAGCAAGG 960
 AACAGTGTGG CTCTTCCATT TTTCAGTTCT GTAAGCATAT CACCCCTTTT TCCTCCCCTT1020
 GAGCTGTGTT CTCTGACAGC TGTTTGTGG TAAAGCCAGC AGCCCCATAA GCACGTCCCA1080
 GCCTTGCTCT CTCTGTGCTT TCCCCACCA CTGCTGCTGC ACGCCTCATT TGCTGGGCCA1140
 CTTTAGTGGT GGAACCATTA GAGGCTGAGT GACTTAAAGG AGATTGAGTC TGTCTCGACC1200
 55 CCGAGAGAGA GTGGGATGGA TGGATGCATC GTCTCATTTA GAAAGTGTG CCTCTGACTC1260
 TAACACACTC TTCTCTCTTT CTTTACCGCC CTCCCTGTGT GCGTCCCTGG GGGGGCGTGG1320
 GCTAAACCCC TTCCGTCCCC CTTTCTCCTT CTCTCTCACA GTGTAGGCAC CACTTCTCTT1380
 ACAATTTAGG CTTTCTCTCT GCCTTGGGCT GAGTGAGGAA GAGGAGTGCT GTTCTGCCT1440

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTACCAT GCGTGATTGT1500
 TAACTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560
 TTTTCTGTGTA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGTG1620
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680
 5 TTTGGGTCCT CTAAC TAGGA CTCCCTCATT CCTAGAAATT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTTC TAAACAGTG 60
 GGGGCGGGGG GGGCGGCGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGTTGT 120
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180
 35 CGGAGGAGAA CTTCATTTCC CAGCAGCCCT TAAGATTCTT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240
 CCGGCATTCT GCTTCCGGC GCTCTGCCCT CCGGTGCGTC GTTACGGCC AGTTGAACC 300
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCAGCCT 360
 TTTGAGTCCT ATATCACTGC GCCTCCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCCAA ACCTGCGNCC 420
 CCCAGCTACA CCCGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCCTNGT TGAAGANCC 480
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTTCTGGGTT GGGGCTGATG GGGGNNCGGG CGGGTACGTG 540
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGGATACC CCCCAGTNC CATGGACCNA 600
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANGC NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGTNCAT 660
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCCTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTTNCC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG AACTTGTAC ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840
 NNACAAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTCNTC TGGCTANTGG AGTGTGTTGTG 900
 GCCTTCACAG ATTTACAGG AACCAATAAA TCCCTCAGAG AAGTAAAAAA NAAAAAAA 960
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA A 1001

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2515 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 610

```

GGTGTGGAAA CTACTGCAAA TAGTAGCACT TCACTGAGAT CTACAACTCT TGAAAAAGAA 60
GTTCTGTGCA TCTTCATCCA CCCTTTAAAC ACTGGATTAT TCCGGATAAA AATTCAAGGA 120
20 GCCACTGGAA AATTTAATAT GGTCATCCCT CTTGTGGATG GGATGATTGT CAGCAGGCCA 180
GCTCTTGGCT TTCTGGTGAG GCAGACTGTA ATTAACATT GTAGAAGAAA GAGACTGGAA 240
AGTGACTCCT ACAGTCCCC CATGTCCGCC GGAAACAGAA AATCACCAC ATTGTCAACA 300
AGTACCGGAA CAAGCAGCTG GAGCCAGAGT TTTATACTTC ACTTTTCCAG GAGGTGGAC 360
TCAAGAACTG CAGTCTTAG ACCACTGAAT TTCTAAGACT GTTGAAGTCC AGTTGGGAA 420
25 CTATAACACA GCAGAACAGT TTGATAGGTG ATCACTGTAA AAATAAAAAC AAATCACTCC 480
CAAGAGCTTA CTGTTTAATC ACCAGAATAG AAGAAACACA TTATAACCCA TTTGATAGAA 540
GACTTTGGGC TATCTAGTGA AATGGGCTCC CAGACACAAT CATACTCCTG CTGATAATGA 600
TGATATACAT TTTAGCCATA AACTTTCTTT TAAAGTGAC AATTTTAGTT AAACATAAGC 660
CTTTTGAGGA GAAAGGCTTT TATGCATCTC AGTTAAACAC GTGCATTGGT AGTATCAACA 720
30 AATTTGCAAT ATAGAAGTTG AAGATAGTTT TTNCTCAC TTTTAGGAG GCTGTATTCA 780
AAATTAAGA CTCAGAATCT TACAGGACAT TTAAAGGACT CATGTTGATA GCATGGAGGA 840
GAAGGAAAGA AGTCACAGCC TTCTACTCAG TTGTAGGTCT TCTTGTCTC CAGCTGTCAC 900
ACTGACAAA AGAAAAGATG ATANCATGTT TTTTGCTCA GATAAGAAGC CTGACATTAA 960
AAGATGTCAT ATTTTTTCT CCACATTTCA AAAAGTTGTC CTTCTCATCA CTGCACAGAT 1020
35 CTGTCTGAAA GCCTCAGTTT CTGAGTGACC CAGGAACAGA TCAGAAATGG AGCATGGCCT 1080
TGTCCTTTAA TGGGGATGCA AATAAAGTTT GTGGGGTTAA AAGTTATAAG ACAGCAGTGA 1140
TACCCCACTC TCTCCATTAT TGTCCAGCGG GGTGACATAA TGACAGGTTA AATATTTGTG 1200
ATTCATTGAT TAAATATTAT TTAAGAAAT GTAAAAAATA AAAAAAGGTT GAAAAATTAT 1260
TGGTTTCATC CATTGTCTCT TATTTAGGA CCAAGCAGCA AACTGCAGTA GTTTGTGAAG 1320
40 GATTCTAATA TGGGGTTCAG GAATAGCCTC TCAACGCTAC TAATTCAGAT CTCTCCAGAA 1380
GAAGTACTGG ATTTCTCAT AATTGACAAA CATGAGTGAC CACCTCTTTG GGTGGCTACT 1440
GTTAGAAATG GCTGTTGTCA TGTTTTCTGG ACTTTGCCAG CCAACAGATC CCTGCCAGGT 1500
TTTGGAATA CTTCTATTAC CTCGCTGCTA CTTTCTGCA GGGATAAAAC TTTGNAGGT 1560
GGCCAGACCC AGAACATCCA AGGATTCCTG TTACAGTGCT ACAGTATACA CTGCTCATTT 1620
45 ATCCTATTCT CATGTGCTTT CTCTTTAGT AAGATTATTT TAAGAAAATA AGTGATATTT 1680
AAAGTCCAAA GAGGAATGAT CACAGTTGTA TAAGGGGTGT TTTCCCACTT GAAGTCTGAT 1740
GTCAGTCGAC TGTGGGTCAG AGCTACAACC ATCTGTTTGG TTTGATGTTT TGGTGGTTTA 1800
CTTACGGAGT GGGGATAGTG TGAGACCTAA TTCCCTGTGC AAATGTCTCT TATTCCAGAA 1860
ATGTGCATTT GTGCATCTAT AAGCAAGAAA TATGGGCATA GCAGCTCTTG GTTTAAANGT 1920
50 TTGCCATAAC CTGTTTCATG TTGTTTAAAG CTCAGGTAAA GATAACCTCC NTCTTTCTAT 1980
GACTCCAGTT TCCATTGAGG TTATAGTATT ATTCAATAGT TGATTTTCTT TTTAAGCTNG 2040
GGCAATAAAT TGATGTTTCC AGATGGTAA ACATGGANGAG GGCATATAGG ATAAAGATNG 2100
AGCAAATTCT ACCCTAAAAA TGNTTCTAGT AGTTCACAGG AAGAAGATGA GGTTTAATAA 2160
CTTTCAAGGT AATTCTAGAT TGACATTTTN GAGGGGAAAA TGGGCTCTTG TTCTAGTTGA 2220
55 AGTGAGCAGA GAANGGCTAT NAAATTAATA TGTAANCTTA CAGCATTTCA GAGGTTAAAA 2280
ATAACTGATG CAGATGTACT TCTTCAGTGT GATTCTTCAG ATCAAACCTT TACTTTTGGC 2340
ATAGTTAATT TCAGAAAAAT GTGCTGTATG TGTGTGTGTA TGAGGGTTGG TCTTGCTGAT 2400
CCTTCAGTTA GCTCTAAATT CTGGCACTC CTGTGAATTC CCATGTATTT GATACCATGA 2460
ACCAATCATG TTGAATGCGT TTGTGTATCT GGGGAGCCTC CCCCCTCTTC CCAGG 2515

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 818 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

25 TTTT TTTT TTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTT TTTCCC CTTC TCAGCT 60
 GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120
 CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180
 TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTTC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240
 30 AAAACCATGT TTTTGCAAGA TAAAATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTAA CCATCCCCAT300
 TTTTATCATA TTTCCACCAT CACTTCAGGG TTTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360
 CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTTC420
 CAGGAACCTC CTGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATTT TCTGGAGTTT GTTTTGCAGG480
 GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540
 35 GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600
 GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCTT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGCTGACCA660
 TGAACATCCC CTTCCAGTCC ATCCACTTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720
 ACCCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780
 40 TTGCCGCGGC GCGGAGGGGC CCCCTGGACG TTTAAGA 818

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

10 GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGC GGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
 GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
 GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
 CTGGAGCTCT CGGTCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
 15 ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
 TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
 CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCA GGGCTTCACT 420
 GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
 CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
 20 GTGGTCTACC TGCGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
 CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
 TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
 CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
 GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CTTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
 25 TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCTT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
 ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTACC CCCTTCTTCC TGTACATGA 960
 CCCCCCCCCA TGTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020
 AAAA 1024

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1322 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 35 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

55 GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60
 ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120
 TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180

```

TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240
GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGATACAG AGTTAGAGCT 300
ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360
TACAGAACCC AAAGCCGCCC CTCAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTCA CTCTCTCCAA 420
5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480
CCTGACTCCC GTCACCCAAG GCCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540
ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTTCTGTCAG CAGATATTGC 600
GCAGAACCAA GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTTACAT ATGCATCTTT 660
AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA AACTAAATG AGATCTATAA 720
10 CTGGTTTACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780
GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTC TGTGCGAGTA GAAAACGTTA AAGGGGCAGT 840
ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900
TTCCCTTATT AAAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960
ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC1020
15 CACTCTGGGC AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATAC1080
CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCCTGT1140
ACACGTCAAA GAAGAGCCCC TCGATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCCTGT CCTTAGTGAC1200
AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAAA1260
CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGGCGGGC CAACCCCGAG AATGAAGATT GGAAAAAGGA1320
20 AA 1322

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614

```

45 GCCCGGCGTT AACAAAGGGA GCCGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCCGCC 60
ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120
AAAGTTCCGC AAAGCCCAGA CAACCAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180
CCACCAGAAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGCACA CGTGACCATA 240
50 AACCAGCAAA GATGAGTTTT GATCATCCTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT GCAGACCCAA 300
TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGCT AATTCCTGAG GACCTGAAGG GCCTGCCGCC 360
CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGTT TTCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCCTGA 420
ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGCTGCT GCGTCCTGGT 480
CTTCTTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGTG GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540
55 TTCTTTTAAA TTGCAAACCA AGGAATTCCA GGTGTTAAAG AGTCTGGGGA AATTGGCCAT 600
GGGGTCTGAT TCCAGTCTG TATCCTCAAG CAGCACCAG GACCCCAACA GGGGCCGCCA 660
GACCTTCGGC AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCCTCCT TCCAGGTGTG 720
GAACAAGGAC AGTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

```

CCTAAGCATG AACAAGTACA AAGTGTCTTA CAAGGGGCCA GGACCAGGCA TCAAGTTCAG 840
 TGCAGAGGCC CTGCGCTGCC ACCTCCGGGA CCATGTGAAT GTATCCATGG TAGAGGTCAC 900
 AGATTTTCCC TTCAATACCT CTGAATGGGA GGGTTATCTG CCCAAGGAGA GCATTAGGAC 960
 CAAGGCTGGG CCTTGGGGCA GGTGTGCTGT TGTGTCGTCA GCGGGATCTC TGAAGTCCTC1020
 5 CCAACTAGGC AGAGAAATCG ATGATCATGA CGCAGTCCTG AGGTTTAATG GGGCACCCAC1080
 AGCCAACCTT CAACAAGATG TGGGCACAAA AACTACCATT CGCCTGATGA ACTCTCAGTT1140
 GGTACCACA GAGAAGCGCT TCCTCAAAGA CAGTTGTAC AATGAAGGAA TCCTAATTGT1200
 ATGGGACCCA TCTGTATACC ACTCAGATAT CCCAAAGTGG TACCAGAATC CGGATTATAA1260
 TTTCTTTAAC AACTACAAGA CTTATCGTAA GCTGCACCCC AATCAGCCCT TTTACATCCT1320
 10 CAAGCCCCAG ATGCCCTGGG AGCTATGGGA CATTCTTCAA GAAATCTCCC CAGAAGAGAT1380
 TCAGCCAAAC CCCCCATCCT CTGGGATGCT TGGTATCATC ATCATGATGA CGTGTGTGA1440
 CCAGTGGAT AGATTATGAGT CCTCCCATC CAAGCGCAAG ACTGACGTGT GCTACTACTA1500
 CCAGAAAGTT TTTGATAGTG CTTGCACGAT GGGTGCCCTAC CACCCGCTGC TCTATGAGAA1560
 GAATTTGGTG AAGCATCTCA ACCAGGGCAC AGATGAGGAC ATCTACCTGC TTGAAAAGC1620
 15 CACACTGCCT GGCTTCCGGA CCATTCAGTG CTAAGCACAG GCTCCTCACT CTTCTCCATC1680
 AGGCATTAAA TGAATGGTCT CTTGGCCACC CCAGCCTGGG AAGAACATTT TCCTGAACAA1740
 TTCCAGCCTG CTCCTTTTAC TCTAGGGGCC TCTGTCAGCA AGACCATGGG GACTTCAAGA1800
 GCCTGTGGTC AGGAAATCAG GTCCAGCCTT CCCTGTAGCC AGACAGTTTA TGAGCCCAAG1860
 GCCTCCTGCC ACACACATGC ACACATATCT AGCATTCTTT CCAGACAGCA TCCTCCCCGC1920
 20 CTTCCACCTT GGTAGATGCA AGGTCTATCT CTCCCATCAG GGCTGCCAAA GCTGGGCTTT1980
 GTTTTTCCCA GCAGAATGAT GCCATTCTCA CAAACCAATG CTCTATATTG CTTNGAAGTC2040
 TGCATCTAAA TATTGATTTT ACGNTTTTAA AGNAAATTCT NNCTTAAATT ACAATTGTGC2100
 CCAATGCAGG GTGNNCTCTN NGGGGGGCAA GTAGGTGGTA CAGGGGATTG GAAACATCCT2160
 CCGCGCCTCC AGAGAAAAGT TGCTCCCGAG GTCCATGCCC CTGGAACGTG TTCCTATCAG2220
 25 TCTGGCTGGT TGGGCTGGTC CTTAGACTGG GTGCTTATGA TTAAAAGGGT CTTGGTTAAG2280
 CCCACTTTCC CTCTCCATGT GGAGATGGAA GGTAGAGAAG GATACAGTGT CTATCCTCAA2340
 GTTGCTACGG TTCAGTGAGA GAGGCAGACA TCTGAACAGG NCAGGTAGGA TTCAGTGTGC2400
 TCAGTGCAGT GGGGATTGG AGAGAGATGG GCTTGCTCTC TCTGTGCACC CAGGAGGGCC2460
 ACGCACTTAA AACTGTGTTT GTGGATCAGA GAAGGCTTTA TAGCACAGGG GGCATTCAAG2520
 30 TGAGTCTTAG AGGAAGAGAA GAAACATGGC AAGCAGATTA CATCTGAGCC GTTTGAATTG2580
 TGTTTTTCTT TCTTCCCATG TTTATTTTCT AAGATCTACC TGAACCTAGN AGACTCAAGA2640
 TATTTTTTTA GGAAACCTCC TACCCATGTC TGAGGTAGCA AGTGCAGCCT CACGACAGAT2700
 ACCAGGCAAT CCAGAGCCAC AAAACGTGAT TCCTCCAGGC TCTGCCTGGC CTGACCCTGT2760
 CCTGTCACTG GGGTTTACAT ACCAGTCCCA TTCTTCCTTT TCAATACCTA CCCCCAAATC2820
 35 TTCTCCTAAC CACCATCTGT TTTTTTTTAG TTAAAGCATT TTTTGCCTTA AAAGCATCCT2880
 GACCCCAATT TCTTTGAGCT CACGGGCCCT TTGCTGAAGG TCTCTCAGGG TGTAGTGGTG2940
 TGGCTCTCTG GACTTAACGT CACTCTCAGN AGGTCAGAAC CTTNGGAGAT CAGAACTGAT3000
 TCTCACCAGG TGTGAGAGGT GTGNTANGC AGATTGCAAT GCTCTGCACC TCTTNCCTTG3060
 CAAGTGAGNC AACTTNCAGG NCTCTCTGGG NCAGAGGCTG GCCCACTGTA GTTTGCAGAC3120
 40 ATGCTCTCCA GATGGNTTTT ACTAAGTCCC CTCTCCCTGN ATANGGGAAT CCTGNCTGGN3180
 ACCAGCGCAN GCCCTNNGGT GTNNGANNGA GGTNAAAAG ACTTGNCACA GGNATACCA3240
 AGTNCATGCT GNTAGANGCC AGGATTCCCTA GACCCAGGGC TCTGCACTCT CAAGGCTGGC3300
 CCCATGTGCT CAAGGGGGTC TAATGTTTGG GCTCCAACT AACCATCTCG GAGCTGGGCT3360
 CCTCATTTAC TGCCAAACCC TCAGNCTTAT TAGCNTAGA AAGGGCCCTG GANGTGNAGA3420
 45 AAGCCTGGAT TTTCAAATG ATGCTCCCTT ACTNGACTAG NCTGTGCCAC TCNTGGGCAA3480
 ATGCTCTTCC TTGAGCCTGT TTCCACACCT GTAAAGTGGG GATGATGATC CTATCTCACT3540
 GCTTTTNGTG NAGGATTACA GGNAAAGCA CCTGTCTGG CTCTGTACCT GGCACGTAGT3600
 ANGGTGCTCA GTTCATGCTG GTTTCTTCC TGCTTTTAGT AGGGACCTGC TCTGTGCTCA3660
 CACCTCGGCT GCATGCACCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAAGAGGT CCTGTCTCA3720
 50 GGGAAATTAAC TGTCTTATTG GGAGACAACA ACTGTCTCTC TTGGAACACC CAAGAAACCA3780
 TGNCAAAGCA GTGGACAACA CAGAACACGN CCCTCCTCCT CGCTGCCTGC AGCTNCCAAT3840
 CTGATTCTGC TTGGGAATGG GCGGANACAG NTGGGCTGCT TAACTGCTGT ATAGGACAAG3900
 CCCCTTACCC CTCTCTGGGC CCATGAATTC CTGGCTTGGT TTATGTTCTG ATTTGACACA3960
 CTGATTTTAA TCTTCGAATC ATGACACTGA GTGCAGAGGA GGTGGCATTC CGACAGCAGG4020
 55 ACATACATGT TNGGTGTGAA GACTGGGACG AACTGGGTA GAATCTAGTT TTTAATTATT4080
 ATTAATATAA AGGATCAAAT TAATTTAAAT ATGAATCTGA AGTCCACAGA ACTTTNNNNN4140
 AAGTGCTGTC CAGGCCAACA CTTTGGTAAA ATGCAAATTA TGATATGGAC GTTATCATTG4200
 GTCTGGTGAG ATGTTTCATA TTTGTGACAG TTAATTTAAA AATTATGACT TAATGCTGCC4260
 TGTGTCTATG GGGTTCTGTC TTTCTTGATA GGCATCTATT CATCTGGATC ATGGGACCC4320
 60 CTCTAATCCT TCCACCAATC AAATAAGCTA TTGCTATTGG TTTGGAGTTG AGATATCAGT4380
 CTCGGAACT TCTGAAAAAT GCTAATAATT ACCCAAGGAT TATGTCAAAT TTTAAATAA4440
 ATGTGTGTGT GTTTCTTT 4458

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1562 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

25 TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TGCGCTGCCC 60
 AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120
 ATGTCCGCTT ATGCCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180
 GAGGTCCCTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240
 TCCGGGAAAG AGAAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300
 30 CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360
 CCCAAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCCCTG TTCTGTTCAG AATTCCGCCC CAAGATCAAA 420
 TCCACAAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480
 AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCACTAAGA CGGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540
 TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600
 35 GCTAAAGTTG CCCGGA AAAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660
 GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGTC GGCTGGTGGA GTAGCCCAA AGAAGGGGAG 720
 CGCCGTAATT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGTCTGTT GCCCTCATTA GGTTTAATTA 780
 CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAGTCT CTCAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGGTT 840
 TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900
 40 TCCAAACATT TTTAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTTCCT CTCACCTCTG GCACTTTGCT 960
 GTTGGTGTGA CAAGGCATTT AAAGATGTTT CTGGCATTCT CTTTTTATTT GTAAGGTGGT1020
 GGTAACATATG GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTTCAAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080
 AAAAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCCT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140
 GGGAAGATGC CTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200
 45 TGACTCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGGTTGTCTT GTTCTGTAT ATAGTGACAT1260
 AGCATTCTGC TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320
 TTTTTTTAAG TGCCGTAGTT TTTAAACTGT TTGTTTTTAA ACAAACTATA GAACTCTTCA1380
 TTGTCAGCAA AGCAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCTCC TGTACTTAAA1440
 CACGATTTCG AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAG AATGCTGAAA TGTTTTTGAA1500
 50 GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1560
 AA 1562

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20 GGCAATTTCC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60
 CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120
 AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGGCGTGTG 180
 GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GGCGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240
 25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300
 AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360
 TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420
 CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480
 TGCGCCAGAG CTGCAGACAA CCCGCCAAGA GCTGTACAC GCTCTGTACC AGCAGCATGC 540
 30 CGCCTGCCGT GTCATTGCCC GTCTACCAA GGAAGTCACT GCTGCCCAG AGCTCTGGC 600
 TACCCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATTGT GCCCAGGCT GTGCCAAGTT CCCAACCAAG 660
 TGTTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATTT GGGTGAGCTG GTGGGAATGA CCCAGAGAT 720
 TATTCAGAAG CTTCAAGACA AAGCCACTGT GCTAACCAGC GAGCGCAAGA AGAGAGGGAA 780
 GACTGTGCCT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGCTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCATC 840
 35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTC TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCCGTC 900
 CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAT GTCGTGTGT TGTACAAAAG 960
 TTCTGAACAA ATCCTGGCTA CCTCAAAGG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT 1020
 TCACCCTTCC CAGGACCTGG TGTTTCTGCT TCCCCCGAT GCCACTATCA GGATTGGTCT 1080
 GGTCCTCAAT GCCTCTTGTG TACAGGTGGT TCGGGCCCAT GAGAGTGCTG TGACAGGCCT 1140
 40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCT GAGCTCCTCC GATGATCAGT ACTGGGCTTT 1200
 CTCTGACATC CAGCAGGGC GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC 1260
 TCTCACCTGT GCACAGTTCC ACCCTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC 1320
 TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC 1380
 GGGCCCCATC ACTAGCATCG CCTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGCTGA 1440
 45 TGACTCCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGCAGCTG 1500
 GATAACAAC TTAGGGTAA GTCACTGATC TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT 1560
 GGGGGCACGG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA 1620
 GAGCATAGCG CAGTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA 1680
 ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA 1740
 50 GCTGGGCCTC ATCTCAGTAG AGGGGTAGAA TTAGGGTTTG GGGGGGGGTG GGGGGAATCT 1800
 ATGGGGGGAG GGGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTACATCA TTTCACCTCT GTCTGAGTGG 1860
 TGGCCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAC CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCCCCATGGG 1920
 AACGGATGTG GAAGGAAGAA CTGTACCCTT CTTAAGGCCC AGGGTCGGAG CCCAGGGCCT 1980
 CTCCTTCTCT GTCGTTCAAT GGACGTGGTG GTGGCTGTTC CACACCCATT TTGTTGCACT 2040
 55 TCCTGTGAGA CAGGAGAGGC TGAGCCAAGG GAACTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGGCTT 2100
 GTGCAGGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAAAAA AAGAAAACAA TAACCATAAC 2160
 CACCTCCCCG TGTCTGTCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGGAAAGTCAA GGGGAGGGAG 2220
 CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCTT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 931 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

25 CAGGGGCGTG CAGCCCGCTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCCGC AGCCAACCCC 60
 CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120
 CGCCCTTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCAGTCCC180
 TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGGCGCTC CTTTCAGACC240
 30 GCTGTTTAAC GACTTTGGAC CGCCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300
 CGCCCAGGGC TCCCAGAGCA CCTACACGGA CCTGCTGTCA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360
 AGAGATCCGG CCTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420
 CATCCATGCC CGGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCGGA ACGCCCGCAC480
 GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540
 35 TTCTCCCTGG CTTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600
 TTGGTGGGTC CCCTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660
 CCCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720
 TGTGCCCCAC CGGAACTTT GTGGCCCCTA CCGCTCAGCC CTTCCCAGCA CTTCTCCCAC780
 TTTGTCCCGA GCCTCCTTCT CGCCCAGCAG GGGCACAGGC CTGGCACCTC CCTGCCTTGT840
 40 GTCCTGAGCC ATAGTGACTC TTTTATCTGT GTGTCTTTTG CTAAATATGC CCTTTTTATA900
 TTAATAAAAG ATGATTGGA GTTGTGCTCT C 931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

- 45 (A) LÄNGE: 447 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

ELPSSPPPGGL PEVAPDATST GLPDTAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60
 CSVKDQTPLQ LSVEDTTSPN TKPCPPTPTT PETWGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLFPSS120
 LESSSEQKFY NEVILHARAD EHIALRVREK LEALGVDPGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180
 10 IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSPPDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240
 LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300
 LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGGQGPL GAPPPFPTWP360
 GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL PFPQSPAFPT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420
 MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
 25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFWEPHVIWD WGALWGQNAL WPGGAPGSPA 60
 TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRAATP120
 35 HYPPTDGTGTA GAEQPHVEPE RVPARGQDA GGRMTACPL TTWGTPLDPG IGQDPIEHG180
 LPCALWTVED EVICHFQDIV REPFI 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren
 40 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

5 KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60
AAILWLLCSH RPAPGRPPH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTAG IRYRIAVIAD120
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGLGKE240
WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
QRWFFLPRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
10 TDDQIIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFITLDR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQGEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLLAV ALLAGAARQE120
30 EPALQRVTPA GRMLDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHG HGFAAFDLVD DPRPVIHGE240
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

35 (A) LÄNGE: 255 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

50 AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAAGAAQ 60
LQTEEQPGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA120
LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPKCLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR180

RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240
GLIFIFALRW LKAFI 255

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

20 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180
PSRSRWSPGC SSVCS 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- 30 (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

40 VESHRAHATH TTVRSPETAR GWKPWPHRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60
RQGARASLLA LGLNSPGBS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120
45 AQTPLRGAPG PWTPLPLPS HIPFWSQTP AQRKEGFTEE GQGRAWPQGG DEDISGPGSC180
RLWEEPCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPAAP GLGTGIEPRG LGWLQGRDR240
EG 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

15 GLVMPGELRR PGLGPOAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWPRAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TFWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

(A) LÄNGE: 299 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

35 PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGTLTV LKKKWENPGL GAESHTDSL R NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKMM ENCLGESRHE180
40 VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASG RKISENSYSL240
DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRNLELPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFESH FFFNTVRVPF LKWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSLSTDT EIPG 94

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTPNFPSSV 60
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120
30 ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGS180
KLKIYNCELE NVAEFEG LTD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240
APPRQFRELP DSVPQECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300
TLNPVFGRMV ELSCYLPQEK DLKISVYD YD TFTRDEKVGE TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQFILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFEANKIL420
35 HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480
FENITPRKAK KYLRVVIWN TKDVIDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540
SLDGEGNFW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKCRDMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660
DGA RVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPKL DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720
40 KFIWRRFKW VIIGLLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

5

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
 FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TOVVFLGFPG120
 CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
 10 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60
 30 MLLFVLTCLL AVFPAISTKS PIFGPEEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVNRH TRKYWCRQGA120
 RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVVNIAQL SQDDSGRYKC GLGINSRGLS180
 FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAO KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240
 GYVNPNTYGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLSDAGQYLC QAGDDSNSNK KNADLQVLKP300
 EPELVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKFL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360
 35 PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420
 GVAGGSVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRSLLEEPG480
 NGTFTVILNQ LTRDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIIEG EPNLKVPNGV TAVLGETLKV540
 PCHFPCKFSS YEKYWCKWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600
 WYWCQVKQGH FYGETAAVYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLDSG FREIENKAIQ660
 40 DPRLFAEEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720
 ARARHRKNVD RVSIRSRTD ISMSDFENSF EFGANDNMGA SSITQETSLG GKEEFVATTE780
 STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFLLQS STVAAEAQDG PQEA 824

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

45

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

ADIAGPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQQGQDKP AVLTVHEGL 60
AGAFVLAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSEFDNLD120
10 LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEALVLGLN PPLAVHQOGA180
AAILGPPPET PVLDFAFALT VVGAEHGHRA SCHPLHHSGA AGNRGLLIDE ELPGLDRRAF240
LQLTIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHT 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

15 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

30 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRR LPC 60
THLPWWAGFS LLGSTLPPSV HDTDPASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

SPSSKTQGGSP PRKGAHVPR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

20 HHQKHMGGKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGSLEFGIDDV HEFGLEGSTT HKEAIHIRLA 60
GQLLAGCP SH RASINDTGAL SHRIRDVGLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120
DDLAPVLHVI CDDLLVWWE G 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

- 25 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

40 KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

- 45 (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNGVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGA120
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180
15 VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLOQVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240
LGLLHLLGE GLLEVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300
SSPSFSGSAS DSFSDLMLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20 (A) LÄNGE: 362 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

GRLPGYPD RR GPGASSAGA Q AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVS VN VKTVRGSLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
40 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

45 (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

SGDLRLVDT	SKVQEA	WVPS	QDTHHTQELL	AVQGS	LVSGY	RPGGGF	GGAAP	VHEDPHLLGP	60
ASRGAPETAA	FFFFFFFF	FP	EQHLRVGLLL	LPPRLSPRPG	PAWPVPNPVG	WPGHLHQGGQ		120	
LLAGTNKPFH	LAMVVVFSMD	RG	PETRAGR	REHTSLGVGT	SLXTPQQLXG	PRXXFPXAVQ		180	
10 ASPXPGVCSL	AWVELCHIXD	KQXGG						205	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

15 (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

PVTPRDXPGA	GGGSXEGPMQ	HPGQSRPXPL	AXPAPXWXL	M	APCGALTCWA	RLXLGLSAPX	60
30 LLIXDVTELD	PSQAAHSWTW	ASLHCXGKXX	PRAXKLLRGX	EAGAH	PQASV	FSAPPCPRFR	120
ASVHREHHH	GQVEGFISPC	QQLSSLVQVA	WPAHWIGDGP	GWARSGAQSG	R		171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

35 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

50 ISRNEGVIVR	GPKSPRSLLR	SHSEPPALVL	WRDHR	LVPGT	DYCKDTALVP	TEKNTGQQEH	60
TFSQYLATPH	SELTITHGKW	VHSSLWSDPA	GLGRQEQHSS	SSLSPRQRES	LNCKRSGAYT	120	
VREKEKGGRK	GFSPRPPRDA	HREGGKEREK	SVLESEATLS	K			161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

- 5 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

20 CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60
RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120
HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

- 25 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

40 WGXGRVRVXG WXRKPMKXGI PPEXHGPITA DGHRLXXXLP PXGXRCXXAD PKGXGLXALF 60
XKXPPXEXCL LSXXPXXPVT HRAGMEFNGX FWXXTLVHGQ TSLXGYXTR LKXKIVCCHS120
SGXWSVCG LH RFHRNQ 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

- 45 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

GRXSRAWGLG CPSLLSPISL RLPVPPPRPP NLRPPATPGA PTXPXQNTAX LKXLELSXX 60
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120
XPXRVVXKXT TX 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

15 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSRR 60
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120
SRTAVLRPLN F 131

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

40 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LXVARPRTSK60
DSCYSATVYT AHLSSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

5

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

25

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRQLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

45

- (A) LÄNGE: 280 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQOK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSFSI240
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

20

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

35 DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60
ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180
ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240
40 ILLV 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

45

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

5 LTTTCVSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60
 EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQLEL QLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120
 TEPKAAPQPL NLVSSVTL SK SASEASPSL PHTPTTPTAP LTPVTQGPSV ITTSMHTVG180
 PIRRRYS DKY NVPISSADIA QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240
 10 WETRMFAYFR RNAATWKNAV RHNLSLHKCF VRVENVKGAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300
 SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360
 NSNESDSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDEPNV420
 EDME 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

15 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60
 LTSYSNDPNR PPDSRHPRPL CHHNHQHAG GTHPQAVLRQ IQRAHFVSRY CAEPRIL 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

35 (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 652:

PEAGLFSCSE QSDFPHEIFI MIHTNLKKKF SCCVLVFLLF AVICVWKEKK KGSYYDSFKL 60

QTKFQVLKS LGKLAGSDS QSVSSSTQD PHRGRQTLGS LRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120
 SSKNLIPRLQ KIWKNYLSMN KYKVSYPGPG PGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFFP180
 NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSLKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240
 QDVGTKTIR LMNSQLVTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKWY QNPDYNFFNN300
 5 YKTYRKLHPN QPFYILKPOM PWELWDILQE ISPEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360
 YESLPSKRKT DVCYYYQKFF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420
 FRTIHC 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

RCVQGSFVL SRKTSLLAN PGAAGPSGP QELALLSMGG KVVWVCRPRP IFLRMIKTHL 60
 CWFMTCAAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLFF SLWCWLCGLC GTFCPLARCT LGRGGCGCSA120
 RSVAARSAP TPVGIGSLC 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 654:

WRQLARGWGA LSRASCPALP RLANNTVRMA KGDPKKPKGK MSAYAFFVQT CREEHKKKNP 60
 EVPVNAEFS KKCSEWTKM SGKEKSFDE MAKADKVRD REMKDYGPAK GGKKKKDPNA120
 PKRPPSGFFL FCSEFRPKIK STNPGISIGD VAKKLGEWNN NLNDSEKQPY ITKTAKLKEK180
 50 YEKDVADYKS KGFDFGAKGP AKVARKKVEE EDEEDGGGGG GGGGGTYSRV GWWSSPKEGE240
 RRN 243

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 655

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: inz 1
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQEESSRRWP FGSIRILLLL ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIKERFLF PGHRLPPLRA 60
LLGKFRKIDR DLWVFLLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPCIVR 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

(A) LÄNGE: 356 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCSHAAQLH SAPELQTTRQ ELSHALYQHD AACRVIA RL T KEVTAAREAL ATLKPQAGLI 60
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTTERKKRG KTVPEELVKP120
EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180
GHTKKVTSVV FHPSQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCVQV VRAHESAVTG LSLHATGDYL240
LSSDDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD SQIKIWDLKE300
RTNVANFPGH SGPITSIAFS ENGYYLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITTLR 356

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

15 LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGHI STFLOVPDLD LRVHGSCSKD 60
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180
IRPTSEDLVG VGRAEVQGD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

35 EHNSKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKCWEGLSG 60
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLPPGGP LLGSRGPTK GHRTGSPGWL120
VOLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

5 RLWTAFHGLR AGDEATRRPG LPEHLHGPAV SHRGDQORDP AYLCWQQRH GAPEERYHPC 60
 PGPSQRPGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRFSL AFIP SCTNHP GLPVLCPLVG120
 PLQEPRSGPP GGSTKDTTPQ QELAARSP 148

Patentansprüche

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- 10 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 30 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 35 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 45 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 50

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 45 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 50 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Pankreastumors.
- 45 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.
- 50 32. Arzneimittel, enthält nd mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659.

- 5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 10 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.
- 15 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 20 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

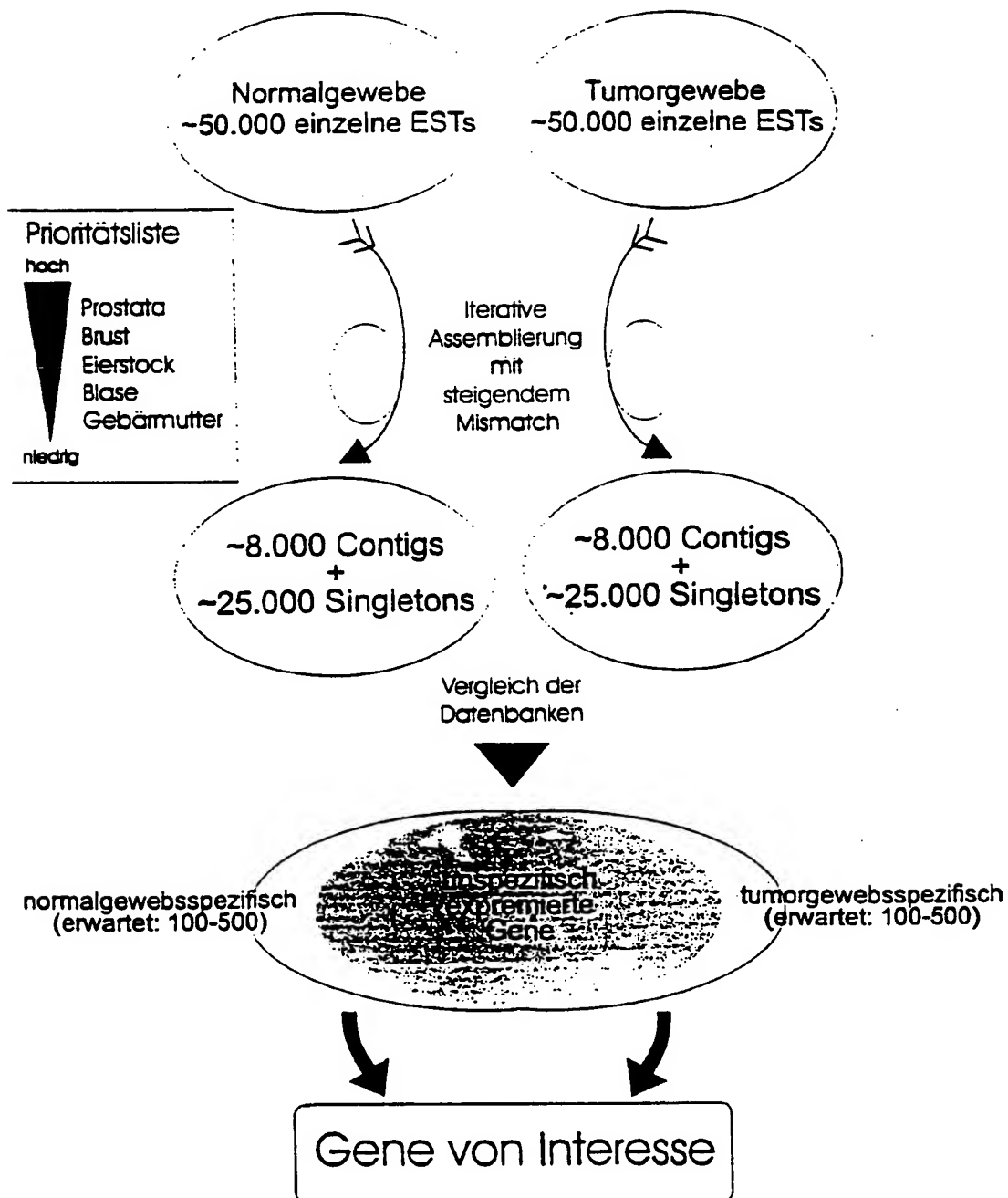


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

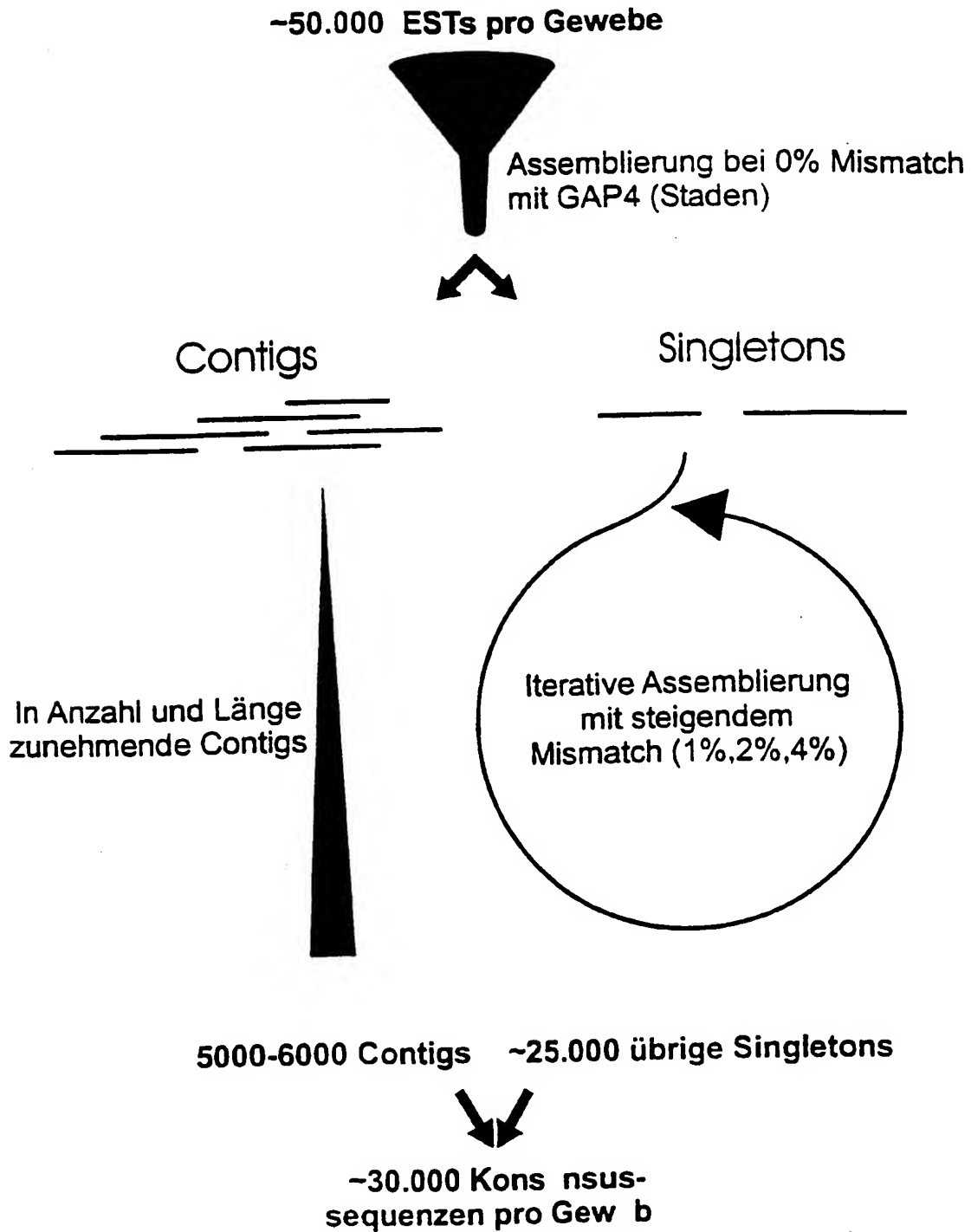


Fig. 2a

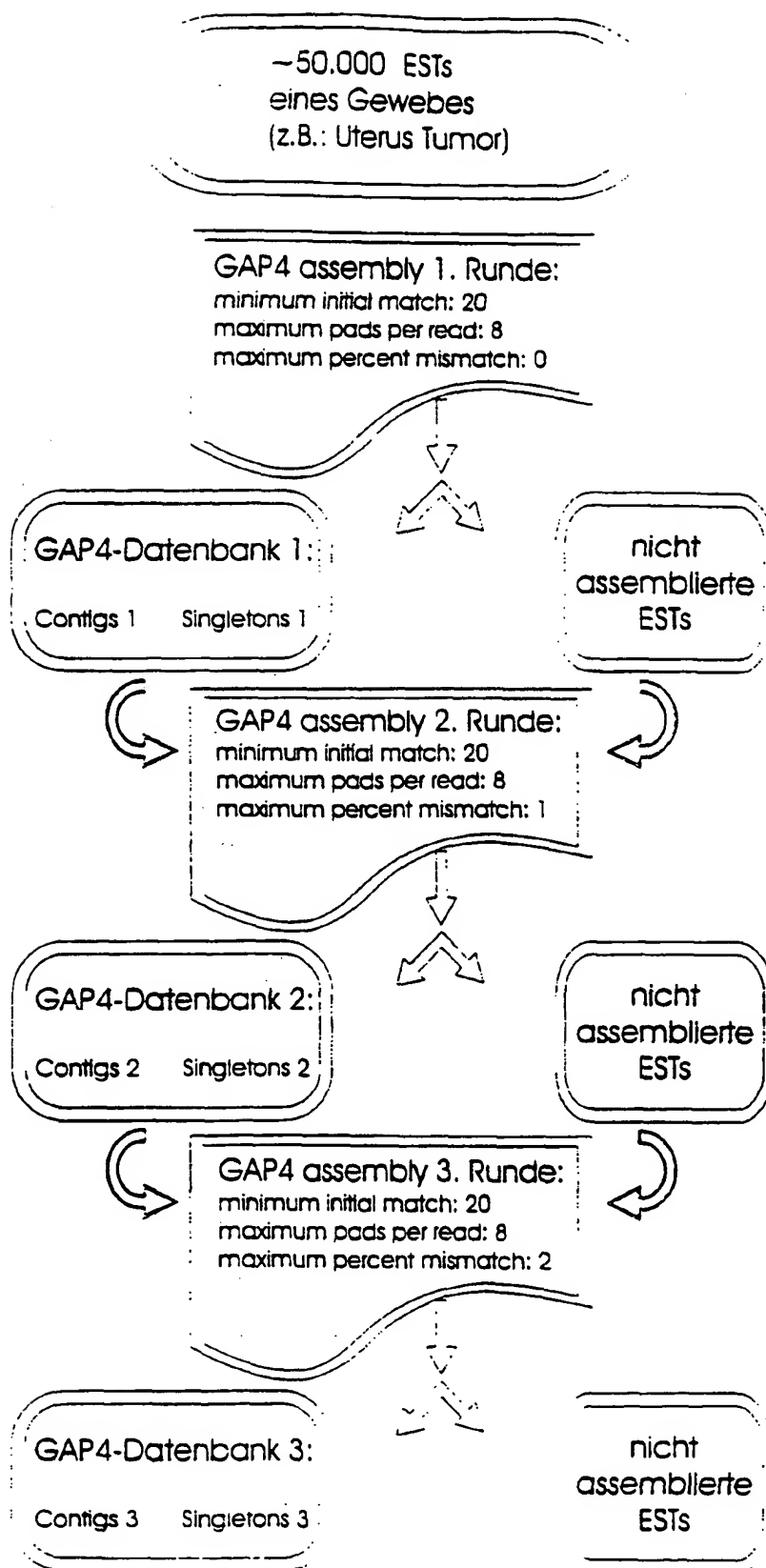


Fig. 2b1

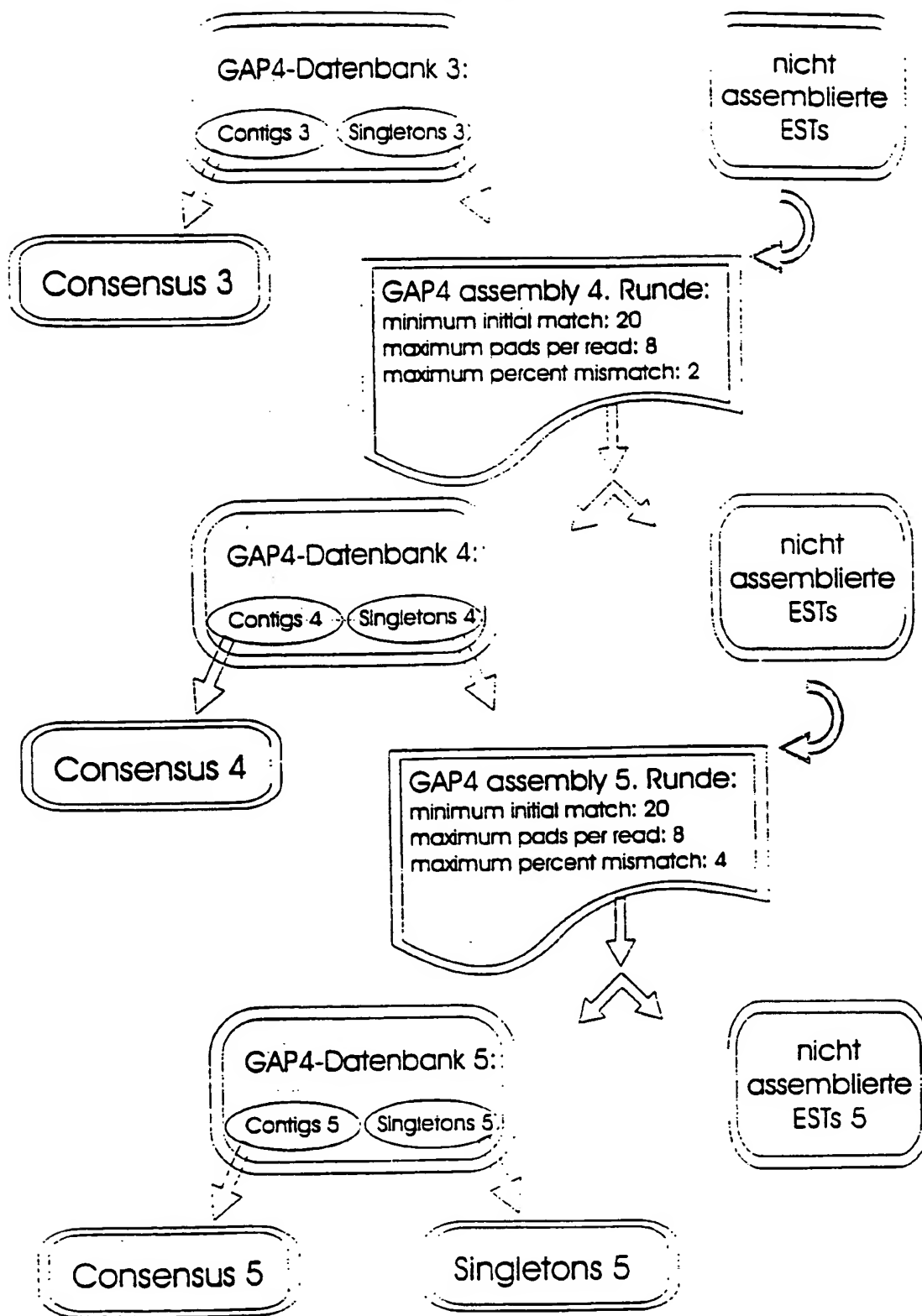


Fig. 2b2

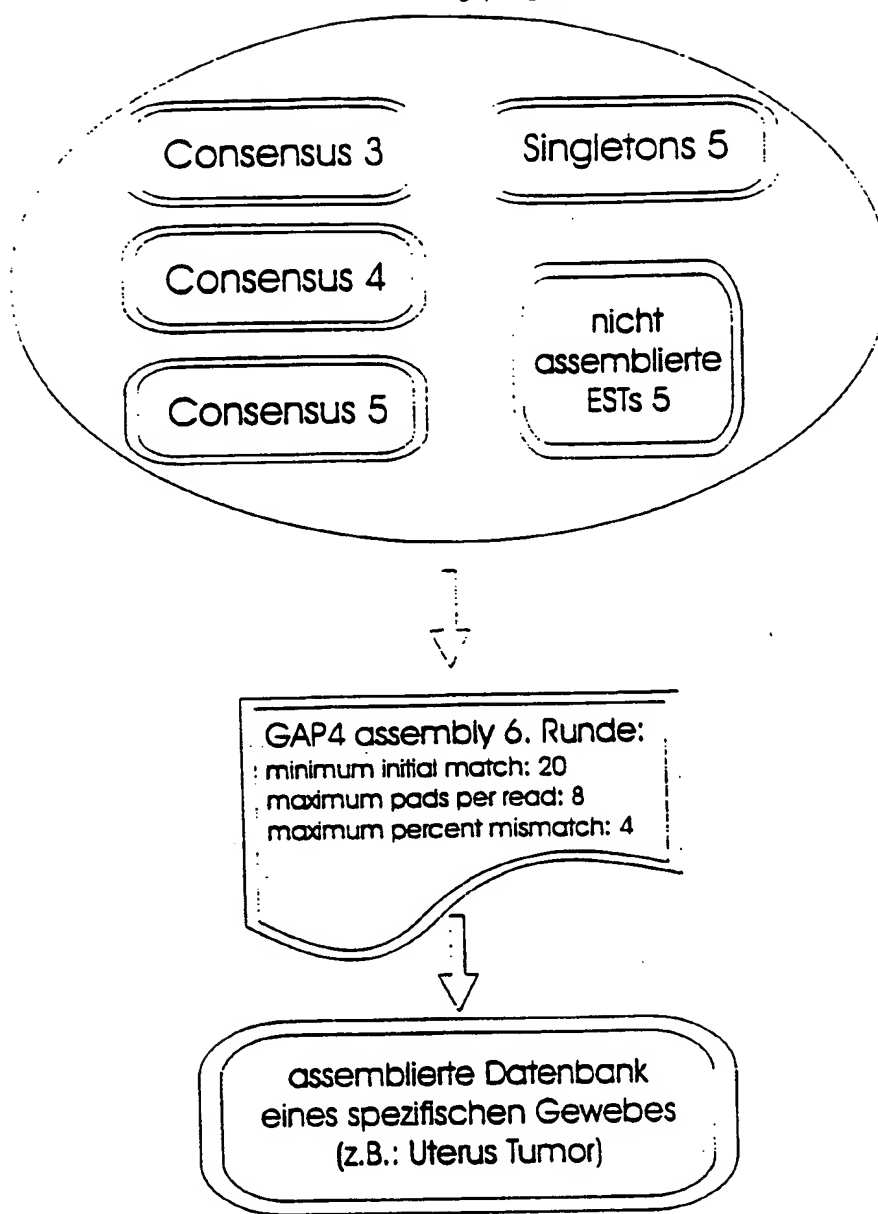


Fig. 2b3

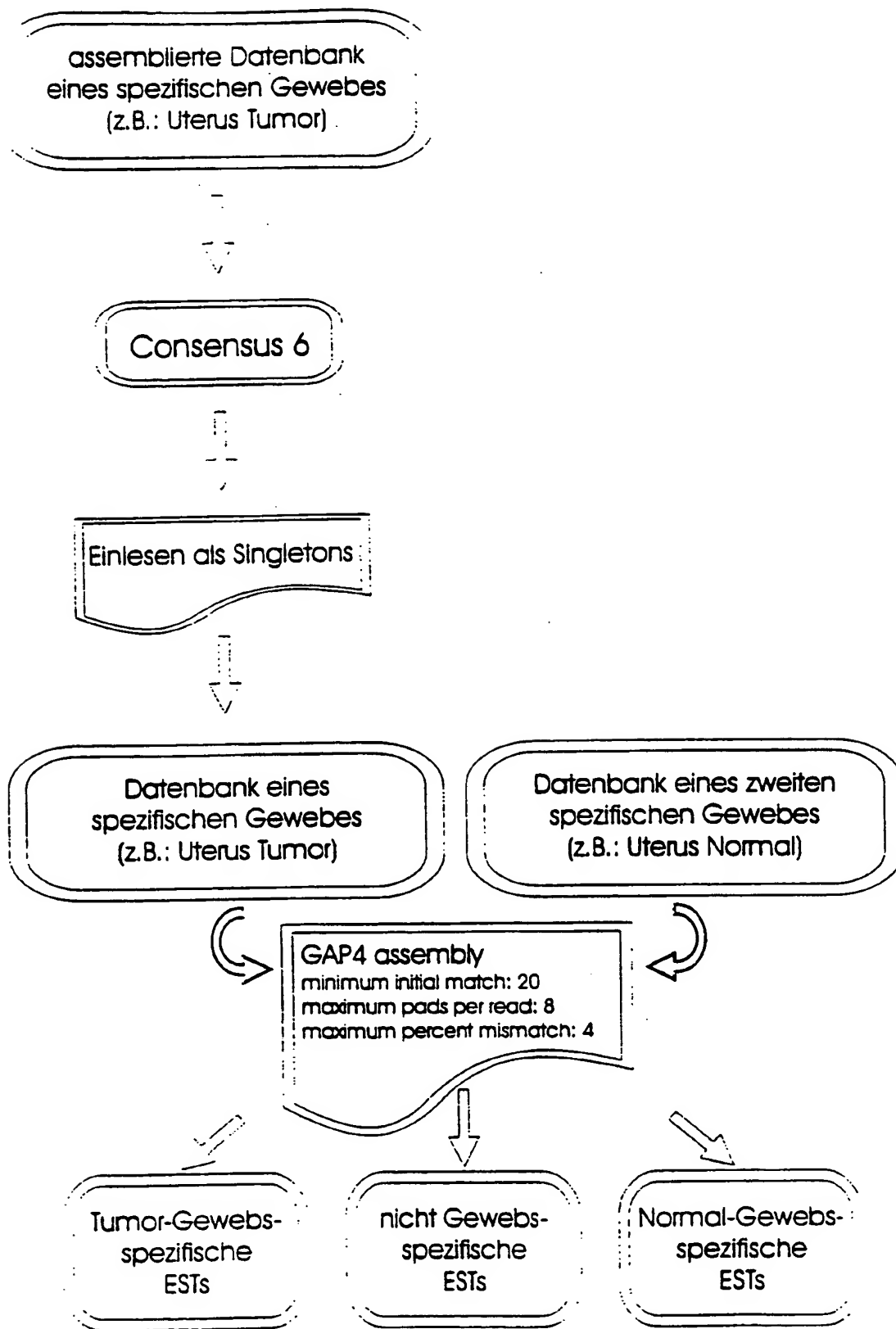


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

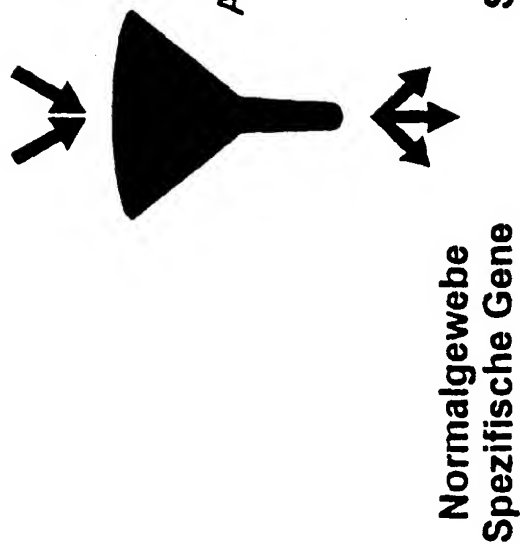
WO 99/55858

7 / 10

PCT/DE99/01258

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe



In beiden Geweben
expremierte Gene

metagen

Fig. 3

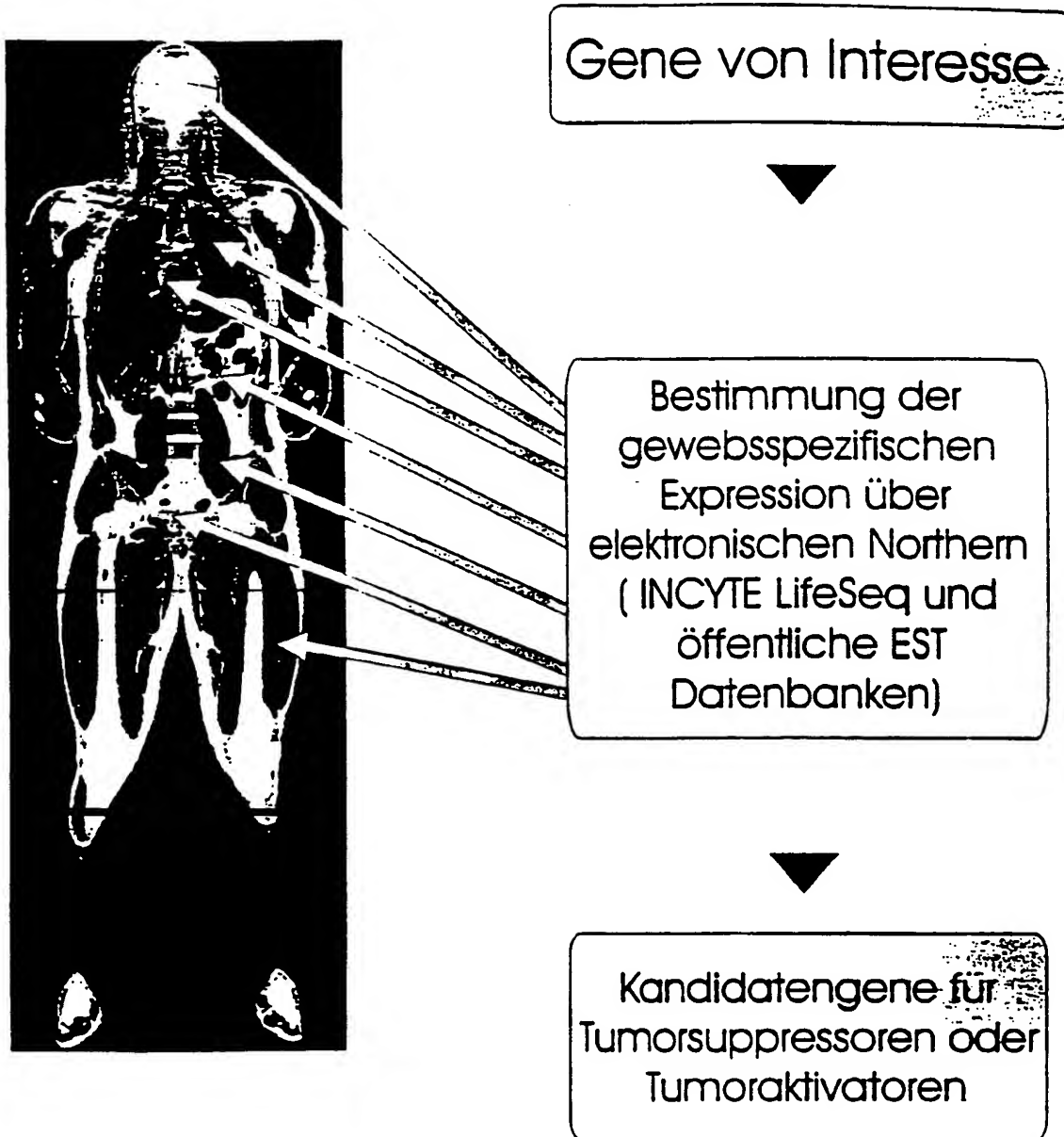


Fig. 4a

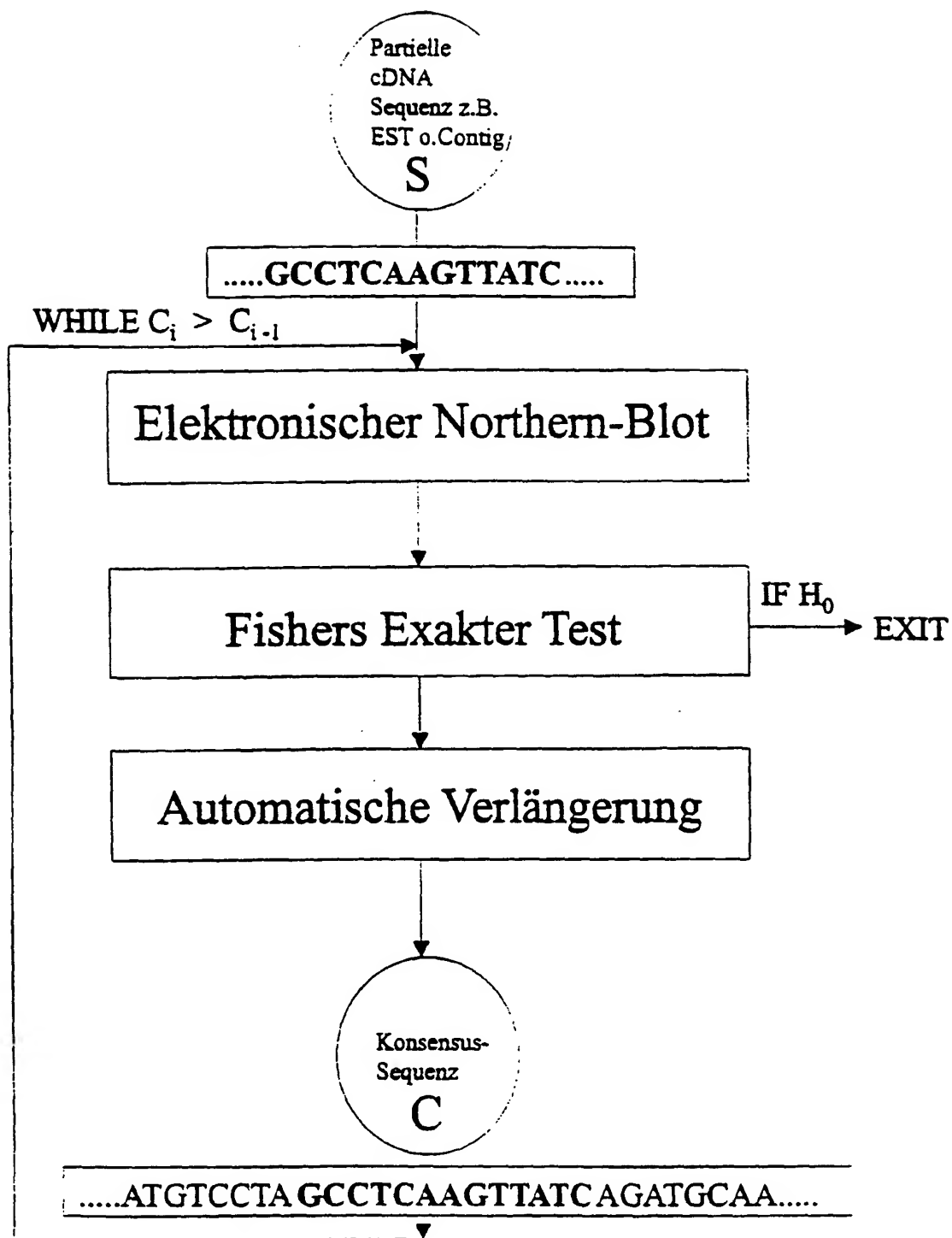


Fig. 4b

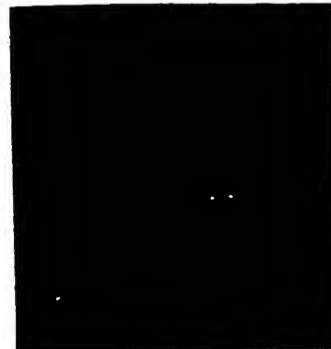
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

